

Genomweites Expressionsprofil skelettaler Tumore und funktionelle Analyse der Ephrine und CD52 in Osteosarkomen und Riesenzelltumoren

D i s s e r t a t i o n

Zur Erlangung des akademischen Grades
Doctor rerum naturalium (Dr. rer. nat.)
im Fach Biologie

eingereicht an der Mathematisch-Naturwissenschaftlichen Fakultät I
der Humboldt-Universität zu Berlin

von

Raphaela Günther
geboren am 19.05.1980 in Stollberg/Erzgebirge

Präsident der Humboldt-Universität zu Berlin
Prof. Dr. Dr. h.c. Christoph Markschies
Dekan der Mathematisch-Naturwissenschaftlichen Fakultät I
Prof. Dr. Christian Limberg

Gutachter/innen:

1. PD Dr. Christine Sers
2. Prof. Dr. Wolfgang Uckert
3. Prof. Dr. Anne-Catherine Andres

Tag der mündlichen Prüfung: 25.02.2005

Diese Arbeit widme ich
meinem kleinen Engel Etienne und meinem Verlobten
Herrn Thomas Fritsche,
der mich durch die guten und die schlechten Tage dieser Arbeit liebevoll begleitet
hat.

Zusammenfassung

Knochtumore stellen mit nur 0,2% aller menschlichen Tumore sehr seltene primäre Neoplasien des skelettalen Systems dar. Diese Dissertation beschreibt die genomweite Microarray Analyse von Osteosarkomen und Riesenzelltumoren.

Mit einer Microarray Analyse von konventionellen und metastatischen Osteosarkom-Geweben verglichen zu einer Osteoblasten-Primärkultur (HOBc) wurden Gene ermittelt, die im Prozess der Entstehung und Entwicklung sowie im Verlauf der Metastasierung von Osteosarkomen eine Rolle spielen könnten. *EFNA1*, *EphA2*, *EphA3* und *EFNB2* wiesen sehr hohe relative Expressionswerte und eine deutliche Aufregulierung in den Osteosarkomen im Vergleich zu HOBc auf. Mittels RT-PCR und immunhistochemischer Färbung wurde die Expression von *EFNA1*, *EFNA2*, *EFNB1*, *EFNB3*, *EphA1* und *EphA2* validiert. Da die deutliche Aufregulation von *EphA2* und *EFNA1* im Osteosarkom bestätigt werden konnte, wurden beide Ephrine funktionell untersucht. *EphA2* wird in Osteosarkom-Zellen durch seinen Liganden *EFNA1* Zeit- und Dosis-abhängig internalisiert und vermutlich degradiert. Die Stimulierung des *EphA2* Rezeptors durch *EFNA1/F_c* führt zu einer Aktivierung von Mek, Erk und den Transkriptionsfaktoren Elk1 und cJun. In Wachstumsassays wurde eine signifikant erhöhte Proliferation der stark *EphA2* exprimierenden MNNG/HOS Osteosarkom-Zellen durch *EFNA1/F_c* beobachtet. Diese Resultate zeigen, dass die Überexpression von *EphA2* und *EFNA1* im Osteosarkom eine Rolle während der osteogenen Tumorgenese spielen. Interessanterweise scheinen *EphA2* und *EFNA1* direkte Zielgene des Mek/Erk-Signalweges zu sein. Wir vermuten einen positiven „*feedback-loop*“, der die *EphA2*-Expression über die Aktivierung des Ras/Erk-Signalweges reguliert.

Mittels Microarray Analyse wurden auch primäre und rezidivierende Riesenzelltumor-Gewebe analysiert. Riesenzelltumore sind osteolytische Neoplasien mit einem variablen Grad der Aggressivität. Durch diese molekulare Charakterisierung konnten neue Gene (*AMFR*, *CD52*, *Claudin7*, *EphA1* und *FGFR3*) als differentiell exprimiert detektiert werden. Sie wurden bisher noch nicht mit Riesenzelltumoren assoziiert und spielen vermutlich eine Rolle in der

Tumorprogression. Weitere Analysen größerer Patientenkollektive sowie funktionelle Studien sind notwendig, um interessante Gene wie *AMFR*, *Cathepsin L*, *Claudin7*, *EphA1*, *FGFR3*, *Jun* und *MMP13* weiter zu untersuchen, und um ihre mögliche Beteiligung an Entstehung und Entwicklung von Riesenzelltumoren zu verfestigen.

Im Rahmen dieser Arbeit wurde erstmals die extrazelluläre und intrazelluläre Expression von CD52 in mesenchymalen Tumoren beschrieben. Die unterschiedlichen Expressionsmuster von CD52 in den Microarray Analysen der Riesenzelltumore und Osteosarkome veranlassten uns, CD52 näher zu analysieren. Wir bestätigten die *in vivo* und *in vitro* Expression von CD52 in Osteosarkomen, Chondrosarkomen und Riesenzelltumoren sowie in weiteren benignen und malignen skelettalen Entitäten verglichen zu deren nicht-neoplastischen Gegenstücken. Generell wiesen die malignen Tumore eine höhere Expression verglichen mit den benignen Entitäten auf, was eine Rolle des CD52-Antigens bei der Entwicklung von Knochentumoren vermuten lässt. Weiterhin zeigte unsere Analyse erstmals, dass der derzeit bei der chronisch lymphatischen Leukämie eingesetzte CAMPATH-1H-Antikörper auch in der Lage ist, die Proliferation von MNNG/HOS Osteosarkom-Zellen Komplement- und Antikörper-vermittelt zu reduzieren.

Schlagwörter :

Osteosarkom, skelettale Tumore, EFNA1, EphA2, CD52

Abstract

Bone tumors are rare neoplasms of the skeletal system amounting to only 0.2% of the overall human tumor burden. This dissertation describes a genome wide microarray analysis of osteosarcoma and giant cell tumor of the bone as well as a functional analysis of ephrins in osteosarcoma cell lines.

We used a microarray analysis to detect genes differentially expressed between a normal bone osteoblast primary culture (HOBc) and primary and metastatic osteosarcoma tissue. For *EFNA1*, *EphA2*, *EphA3* and *EFNB2* an increased expression was detected in the osteosarcoma tissue samples compared to HOBc. The study verified the increased expression of *EFNA1* and *EphA2* through RT-PCR and immunohistochemical staining in human osteosarcomas and so the effects of their interaction in osteosarcoma cell lines were analyzed. We observed time- and dose-dependent suppression of *EphA2* expression via internalisation and degradation in osteosarcoma cell lines through the *EFNA1* ligand. The stimulation of the *EphA2* receptor by *EFNA1*/F_c led to an activation of Mek and Erk. In addition, this stimulation resulted in an activation of the transcription factors Elk1 and cJun. In MTT-assays a significantly higher proliferation of high expressing *EphA2* MNNG/HOS osteosarcoma cells was observed by ligand-treatment. Our results show that *EphA2* and *EFNA1* are overexpressed in osteosarcomas suggesting a role of the *EphA2* receptor during osteogenic tumorigenesis. We further showed that *EphA2* and *EFNA1* are targets of the Mek/Erk pathway. We suggest that a possible positive feedback loop regulates *EphA2*-expression through the activation of Mek/Erk activity.

Further one, a molecular characterization of primary and relapse giant cell tumor tissue (GCT) was performed via microarray hybridization. GCTs are osteolytic neoplasms with variable degrees of aggressiveness. We established gene expression profiles and discovered a number of new genes (*AMFR*, *CD52*, *Claudin7*, *EphA1* and *FGFR3*) that have not been described in GCTs before. Further studies and functional analyses are necessary in order to verify genes like *AMFR*, *Cathepsin L*, *Claudin7*,

EphA1, *FGFR3*, *Jun* and *MMP13* that may be involved in the progression of the GCTs and to identify potential targets for future therapy.

In this study we described for the first time the extracellular and intracellular expression of CD52 in mesenchymal tumors. We confirmed the expression of the CD52 mRNA and protein both *in vivo* and *in vitro* of osteosarcomas, chondrosarcomas, GCTs and other benign and malign skeletal tumors compared to their non-neoplastic counterpart. In general, the malignant tumors showed a higher CD52-expression compared to the benign entities suggesting a role in the progression of bone tumors. Our results obtained in osteosarcoma MNNG/HOS cells showed that CAMPATH-1H, a CD52 antibody currently used in the treatment of chronic lymphatic leukaemia, led to a complement- and antibody-dependent reduction of viable osteosarcoma cells.

Keywords :

Osteosarcoma, skeletal tumors, EFNA1, EphA2, CD52

Inhaltsverzeichnis

Zusammenfassung	I	
Abstract	III	
Inhaltsverzeichnis	V	
Abbildungsverzeichnis	XII	
Tabellenverzeichnis	XVI	
Abkürzungsverzeichnis	XX	
1	Einleitung	1
1.1	Knochentumore	1
1.1.1	Osteosarkome	1
1.1.2	Chondrosarkome	7
1.1.3	Riesenzelltumore	8
1.2	Ephrine und Ephrin Rezeptoren	9
1.2.1	Aufbau von Ephrin Liganden und Ephrin Rezeptoren	11
1.2.2	Ephrin Ligand-Ephrin Rezeptor-Signalübertragung	13
1.2.3	Funktion von Ephrinen	15
1.2.4	EphA2	16
1.3	CD52	18
2	Problemstellung	23
3	Material und Methoden	25
3.1	Materialien und Geräte	25
3.1.1	Software	39

3.1.2	Stammlösungen	40
3.2	Methoden	48
3.2.1	Immunhistochemische Färbung	48
3.2.1.1	Schneiden der Paraffinblöcke	48
3.2.1.2	Hämatoxylin-Eosin-Färbung	48
3.2.1.3	LSAB-AP-, LSAB-HRP- und doppelte APAAP-Methode	49
3.2.1.4	Doppelfärbung CD52:Ki67	51
3.2.1.5	Immunhistochemische Auswertung (Scoring)	51
3.2.2	Zellkultur	52
3.2.2.1	Standardkultur	52
3.2.2.2	Riesenzelltumor-Primärkultur	53
3.2.2.3	Medien	53
3.2.3	RNS-Isolierung	54
3.2.4	RT-PCR (Reverse Transkriptase-Polymerase-Kettenreaktion)	56
3.2.5	Protein-Isolierung	57
3.2.6	Protein-Bestimmung (Amidoschwarz)	57
3.2.7	SDS-Polyacrylamid-Gelelektrophorese und Western blot	58
3.2.8	Durchflusszytometrie	60
3.2.8.1	CD52 und CD52:CD51/61 Doppelfärbung	61
3.2.9	Indirekte Immunfluoreszenzfärbung	61
3.2.10	Transformation von <i>E. coli</i> und Transfektion von EphA2	62
3.2.11	Herstellung der PolyHema-Platten	64
3.2.12	Behandlung von Osteosarkom-Zellen mit EFNA1/F _c	64

3.2.13	MTT-Assay	64
3.2.14	Behandlung mit U0126	65
3.2.15	Serumisolation	65
3.2.16	Behandlung von Osteosarkom-Zellen mit CAMPATH-1H	65
3.2.17	DNS Oligonukleotid-Microarray	66
4	Microarray Analyse in Osteosarkomen	67
4.1	Ergebnisse der Microarray Analyse	67
4.1.1	Datenanalyse	67
4.1.2	Hierarchische Musterbildung	72
4.1.3	Differentielle Expression zwischen Kontrolle und Osteosarkom	73
4.1.3.1	Muster 1	73
4.1.3.2	Muster 2	75
4.1.3.3	Muster 3	76
4.1.3.4	Muster 4	78
4.1.3.5	Muster 5	78
4.1.3.6	Muster 6	79
4.1.4	Differentielle Expression zwischen konventionellen und metastatischen Osteosarkomen	80
4.2	Expression von Ephrinen im Osteosarkom	82
4.2.1	Validierung des Ephrin Expressionsprofils	86
4.2.1.1	mRNS-Expression	86
4.2.1.2	Protein-Expression	88
4.2.2	EFNA1 und EphA2 in Osteosarkom-Zelllinien	94

4.2.2.1	Aufregulation von EFNA1 und EphA2 im Osteosarkom	94
4.2.2.2	Charakteristika der Osteosarkom-Zelllinien	96
4.2.2.2.1	HOS (TE-58)	97
4.2.2.2.2	MNNG/HOS	97
4.2.2.2.3	SaOS2	98
4.2.2.3	Subzelluläre Lokalisation von EFNA1 und EphA2	98
4.2.2.4	Einfluss von EFNA1/F _c auf den Rezeptor EphA2	100
4.2.2.4.1	Dosis-abhängige Suppression von EphA2	101
4.2.2.4.2	Tyrosinphosphorylierung durch EFNA1/F _c	102
4.2.2.4.3	Zeit-abhängige Internalisierung von EphA2 und Aktivierung des MAPK-Signalweges	103
4.2.2.4.4	Aktivierung des PI3K-Signalweges durch EFNA1	107
4.2.2.4.5	Rezeptor-Reaktivierung nach Entfernung des Liganden	108
4.2.2.4.6	Aktivierung der Transkriptionsfaktoren Elk1 und cJun durch EFNA1/F _c und Autoregulation von EphA2 und EFNA1	109
4.2.2.4.7	EphA2 und EFNA1 als Zielgene des MAPK-Signalweges	112
4.2.2.4.8	Verminderte EphA2-Expression unter Serumentzug	114
4.2.2.4.9	EFNA1/F _c hat keinen Einfluss auf die De- Phosphorylierung von FAK	116
4.2.2.4.10	EphA2- und EFNA1/F _c - induzierte Proliferationsstimulation	118
4.3	Diskussion	122
4.3.1	Microarray Analyse im Osteosarkom	122
4.3.2	Ephrin-Expression im Osteosarkom	124

4.3.3	Funktionelle Analyse von EphA2 und EFNA1 im Osteosarkom	126
4.3.3.1	EFNA1-EphA2-Signalgebung in epithelialen Tumoren	127
4.3.3.2	EFNA1-EphA2-Signalgebung in mesenchymalen Tumoren	130
4.3.3.3	Einfluss der EFNA1-EphA2-Bindung auf die Proliferation	139
4.3.3.4	Einfluss der EFNA1-EphA2-Bindung auf FAK	140
4.3.4	Therapeutische Ansatzpunkte	141
5	Microarray Analyse in Riesenzelltumoren	143
5.1	Ergebnisse	143
5.1.1	Microarray Analyse	143
5.1.1.1	Hierarchische Musterbildungen	144
5.1.1.2	Unterschiede im Genexpressionsprofil zwischen Primär- und Rezidivtumoren	145
5.1.1.2.1	Abregulierte Gene in den Rezidiven vs. Primärtumoren	147
5.1.1.2.2	Aufregulierte Gene in den Rezidiven vs. Primärtumoren	150
5.1.2	Immunhistochemische Analyse ausgewählter Gene	155
5.2	Diskussion	158
5.2.1	Vergleich zu publizierten Microarray Analysen	159
5.2.2	AMFR	163
5.2.3	EphA1	164
5.2.4	Claudin7	165
5.2.5	FGFR3	168
5.2.6	Zielgene des MAPK-Signalweges	169
5.2.7	Zusammenfassung	170

6	CD52 in osteogenen Tumoren	172
6.1	Ergebnisse	172
6.1.1	Charakterisierung der immunhistochemisch gefärbten Tumore	172
6.1.2	Erhöhte Expression von CD52 in osteogenen Tumoren	175
6.1.2.1	Osteosarkome und Knochen	175
6.1.2.2	Chondrosarkome und Knorpel	179
6.1.2.3	Riesenzelltumore	182
6.1.2.4	Skelettale Tumore	184
6.1.3	Extrazelluläre und intrazelluläre Expression von CD52	187
6.1.4	Behandlung von Osteosarkom-Zellen mit CAMPATH-1H	190
6.1.4.1	Komplement-vermittelte zelluläre Zytotoxizität von CAMPATH-1H	190
6.1.4.2	Antikörper-vermittelte Toxizität von CAMPATH-1H	191
6.2	Diskussion	193
6.2.1	CD52 in mesenchymalen Tumoren	193
6.2.2	Die CD52-Expression korreliert mit dem Grad der Malignität	194
6.2.3	Mögliche Reaktivierung des embryonalen Programms im Knochen	195
6.2.4	Mögliche Funktion von CD52 in mesenchymalen Tumoren: Schutz vor Adhäsion oder Beteiligung an Zellfusion?	196
6.2.5	CD52 als intrazelluläres GPI-verankertes Protein: Aktive Funktion oder Defizienz in der GPI-Biosynthese?	198

6.2.6	CAMPATH-1H als mögliche Therapie in Osteosarkomen	200
6.2.7	Zusammenfassung	203
	Literaturliste	204
	Anhang	224
	Danksagung	341
	Publikationsliste	343
	Patentanmeldungen	348
	Selbständigkeitserklärung	349

Abbildungsverzeichnis

Abbildung 1:	Aufbau von Ephrin Liganden und Ephrin Rezeptoren.	12
Abbildung 2:	Ephrin Ligand-Ephrin Rezeptor Komplex.	13
Abbildung 3:	Struktur von S- und L-CD52 und Bindungsstellen der CD52-Antikörper. *:	19
Abbildung 4:	Inhaltliche Zugehörigkeit der Kapitel 4-6.	24
Abbildung 5:	Expressionsplasmid für EphA2	38
Abbildung 6:	Leervektor pcDNA3	39
Abbildung 7:	Flussdiagramm zur Microarray Analyse.	68
Abbildung 8:	Muster 1-6 der Datenanalyse von Osteosarkomen vs. HOBc.	70
Abbildung 9:	Systematische Mustererkennung aller differentiell exprimierten Gene.	72
Abbildung 10:	EphA2-Sonden auf HG U133A.	83
Abbildung 11:	RT-PCR der Ephrine <i>EFNA1</i> , <i>EFNA2</i> , <i>EphA1</i> , <i>EphA2</i> , <i>EFNB1</i> und <i>EFNB3</i> .	87
Abbildung 12:	A-D: <i>EFNA1</i> und EphA2 Protein-Expression im Knochen- und Osteosarkom Paraffingewebe.	91
Abbildung 13:	A-E: <i>EFNA2</i> , <i>EFNB1</i> und <i>EFNB3</i> Protein-Expression im Osteosarkom Paraffingewebe.	94
Abbildung 14:	RT-PCR von <i>EFNA1</i> und <i>EphA2</i> in n=7 Osteosarkom-Zelllinien.	95
Abbildung 15:	Intrazelluläre Durchflusszytometrie der Antigene <i>EFNA1</i> und EphA2 in n=7 Osteosarkom-Zelllinien.	96
Abbildung 16:	Expression von EphA2 und <i>EFNA1</i> mittels Western blot.	96
Abbildung 17:	A-C: Immunfluoreszenz-Färbung des <i>EFNA1</i> -Antigens.	99

Abbildung 18: A-C: Immunfluoreszenz-Färbung des EphA2-Rezeptors.	99
Abbildung 19: Dichte-abhängige Expression von EphA2 in SaOS2 mittels Western blot.	100
Abbildung 20: Struktur des chimären löslichen Liganden EFNA1/Fc.	101
Abbildung 21: Dosis-abhängige Reduktion von EphA2.	102
Abbildung 22: Tyrosinphosphorylierung durch EFNA1.	103
Abbildung 23: Rezeptor-Aktivierung durch EFNA1 führt zur Internalisierung von EphA2.	105
Abbildung 24: Rezeptor-Aktivierung durch EFNA1 führt zur Internalisierung von EphA2 und induziert eine transiente Aktivierung von Mek und Erk.	106
Abbildung 25: Rezeptor-Aktivierung durch EFNA1 induziert über 72h eine Aktivierung von Erk.	107
Abbildung 26: Rezeptor-Aktivierung durch EFNA1 führt zur Aktivierung von Akt.	108
Abbildung 27: Rezeptor-Reaktivierung nach Entfernung des Liganden.	109
Abbildung 28: Aktivierung von MAPK-abhängigen Transkriptionsfaktoren durch EFNA1.	110
Abbildung 29: <i>EphA2</i> -mRNS unter Einfluss des löslichen Liganden EFNA1/Fc.	111
Abbildung 30: <i>EFNA1</i> -mRNS unter Einfluss des löslichen Liganden EFNA1/Fc.	111
Abbildung 31: A-C: EphA2 und EFNA1 als Zielgene des MAPK-Signalweges.	113
Abbildung 32: Serum-abhängige Expression von EphA2 und P-Erk in HOS und MNNG/HOS Zellen.	115

Abbildung 33: Rezeptor-Aktivierung durch EFNA1 führt zur Internalisierung von EphA2 und induziert eine Aktivierung von Erk unter Serumentzug.	115
Abbildung 34: Teilweise Kolokalisation von EphA2 (grün) und P-FAK (rot).	117
Abbildung 35: FAK wird durch EFNA1/F _c nicht dephosphoryliert.	117
Abbildung 36: Keine Änderung der Morphologie von Osteosarkom-Zellen nach EFNA1/F _c -Behandlung.	118
Abbildung 37: A-D: Bestimmung der Anker-abhängigen und Ankerunabhängigen Proliferation unter EFNA1/F _c -Behandlung.	120
Abbildung 38: Überexpression von EphA2 in HOS Zellen.	121
Abbildung 39: Bestimmung der Anker-abhängigen (links) und Ankerunabhängigen (rechts) Proliferation in EphA2-überexprimierenden HOS Zellen.	121
Abbildung 40: A, B: Modell der Auswirkungen der EFNA1-EphA2-Signalübertragung in normalen epithelialen Zellen und epithelialen Tumoren.	129
Abbildung 41: A, B: Modell der EFNA1 und EphA2-Expression im Knochen und im Osteosarkom.	132
Abbildung 42: Modell der möglichen Auswirkungen der EFNA1-EphA2-Signalübertragung in Osteosarkomen.	139
Abbildung 43: Histologisches Bild einer abriebinduzierten periprothetischen Membran (links) und eines Riesenzelltumors (rechts).	144
Abbildung 44: Systematische Mustererkennung aller differentiell exprimierten Gene.	145
Abbildung 45: Expressionswerte ausgewählter Gene zur Validierung.	154

Abbildung 46: Protein-Expression ausgewählter Antigene im primären Riesenzelltumor-Gewebe.	157
Abbildung 47: Ki67-positive Nuklei in multinukleären Riesenzellen.	174
Abbildung 48: A-G: CD52 mRNA- und Protein-Expression im Knochen verglichen zum Osteosarkom.	179
Abbildung 49: A-G: CD52 mRNA- und Protein-Expression im Knorpel verglichen zum Chondrosarkom.	182
Abbildung 50: A-C: CD52 mRNA- und Protein-Expression im Riesenzelltumor.	183
Abbildung 51: A-F: CD52-Expression in skelettalen Tumoren.	186
Abbildung 52: Bestimmung von extrazellulärem und intrazellulärem CD52 mittels Durchflusszytometrie.	189
Abbildung 53: CD52:CD51/61 Doppelfärbung in Riesenzelltumor-Primärkultur.	189
Abbildung 54: Serum-vermittelte Wachstumshemmung von MNNG/HOS Zellen durch CAMPATH-1H.	190
Abbildung 55: A-B: Zeit- und Dosis-vermittelte Wachstumshemmung von MNNG/HOS Zellen durch CAMPATH-1H in Abwesenheit von humanem Serum.	191
Abbildung 56: Caspase-unabhängige Wachstumshemmung durch CAMPATH-1H.	192

Tabellenverzeichnis

Tabelle 1:	Potentielle neue therapeutische Optionen zur Prävention und Behandlung des Osteosarkoms.	6
Tabelle 2:	Spezifische Unterschiede zwischen CD52 auf Lymphozyten (L-CD52) und CD52 im männlichen Genitaltrakt (S-CD52).	20
Tabelle 3:	Klinische Studien und mögliche Anwendungsbereiche von CAMPATH-1H.	22
Tabelle 4:	Patientendaten der Osteosarkom-Gewebe.	25
Tabelle 5:	Patientendaten der Chondrosarkom-Gewebe	26
Tabelle 6:	Patientendaten der Riesenzelltumor-Gewebe	26
Tabelle 7:	Patientendaten des Knochen <i>Tissue Microarray</i> .	28
Tabelle 8:	Patientendaten des Knorpel <i>Tissue Microarray</i>	29
Tabelle 9:	Patientendaten des skelettalen Tumor <i>Tissue Microarray</i> .	30
Tabelle 10:	Osteosarkom-Microarray.	31
Tabelle 11:	Riesenzelltumor-Microarray.	32
Tabelle 12:	Zelllinien. *:	32
Tabelle 13:	Primärantikörper.	33
Tabelle 14:	Sekundärantikörper.	34
Tabelle 15:	Primer.	34
Tabelle 16:	Geräte und Materialien.	35
Tabelle 17:	Kits.	36
Tabelle 18:	Chemikalien	36
Tabelle 19:	Immunhistochemie der nachgewiesenen Antigene.	50

Tabelle 20:	Positiv-Kontrollen der immunhistochemischen Färbung	50
Tabelle 21:	Pipettierschema für RT-PCR.	56
Tabelle 22:	Programm der RT-PCR-Reaktion.	57
Tabelle 23:	Eichreihe für Amidoschwarz-Proteinbestimmung.	58
Tabelle 24:	Herstellung des Trenn- und Sammelgels.	59
Tabelle 25:	Immunfluoreszenzfärbung.	62
Tabelle 26:	Eingesetzte Zellzahlen beim MTT-Assay.	65
Tabelle 27:	Kriterien der Musterbildung aus der Osteosarkom Microarray Analyse.	69
Tabelle 28:	Optionen der DAVID-Analyse.	71
Tabelle 29:	Mindestens 10fach überexprimierte Gene im Osteosarkom verglichen zu HOBc (Muster 1).	74
Tabelle 30:	Mindestens 10fach unterexprimierte Gene im Osteosarkom verglichen zu HOBc (Muster 2).	76
Tabelle 31:	Mindestens 4fach differentiell exprimierte Gene im Muster 3.	77
Tabelle 32:	Mindestens 3fach differentiell exprimierte Gene im Muster 4.	78
Tabelle 33:	Mindestens 3fach differentiell exprimierte Gene im Muster 5. c	79
Tabelle 34:	Mindestens 3fach differentiell exprimierte Gene im Muster 6.	80
Tabelle 35:	Die 25 am stärksten differentiell exprimierten Gene zwischen konventionellen und metastatischen Osteosarkomen.	81
Tabelle 36:	Ephrin-Expression in Osteosarkom-Gewebe (n=8) verglichen mit HOBc.	85
Tabelle 37:	Immunhistochemische Analyse von EFNA1 und EphA2 anhand eines Knochen <i>Tissue Microarray</i> sowie Osteosarkom Paraffingewebe.	89

Tabelle 38:	Immunhistochemische Analyse von EFNA2, EFNB1 und EFNB3 anhand von Osteosarkom Paraffingewebe..	92
Tabelle 39:	Funktionelle Gengruppenanalyse der auf- und abregulierten Gene in den Rezidivtumoren (RT) verglichen zu den Primärtumoren (PT).	146
Tabelle 40:	Mindestens 2fach abregulierte Gene in Riesenzelltumor Rezidiven vs. Primärtumoren.	147
Tabelle 41:	Differentielle Ephrin-Expression im Riesenzelltumor.	149
Tabelle 42:	Mindestens 2fach aufregulierte Gene in Riesenzelltumor Rezidiven vs. Primärtumoren.	150
Tabelle 43:	Immunhistochemische Analyse von AMFR, Claudin7, EphA1 und FGFR3 anhand von Riesenzelltumor Paraffingewebe.	155
Tabelle 44:	Überlappende Gene zwischen den vier bisherigen und unserer eigenen Microarray Studie in Riesenzelltumoren.	161
Tabelle 45:	Charakterisierung der verwendeten Osteosarkom, Chondrosarkom und Riesenzelltumor Paraffinschnitte.	173
Tabelle 46:	Immunhistochemische Analyse von CD52 anhand eines KnochenTMA und Osteosarkom Paraffingewebe.	176
Tabelle 47:	Immunhistochemische Analyse von CD52 anhand eines KnorpelTMA und Chondrosarkom Paraffingewebe.	182
Tabelle 48:	Immunhistochemische Analyse von CD52 anhand von Riesenzelltumor Paraffingewebe.	184
Tabelle 49:	Immunhistochemische Analyse von CD52 anhand eines skelettalen Tumor-TMA sowie Osteosarkom, Chondrosarkom und Riesenzelltumor Paraffingewebe.	186
Tabelle 50:	Bestimmung von extrazellulärem und intrazellulärem CD52 mittels Durchflusszytometrie.	188

Tabelle 51:	Genliste Muster 1 (n=1.163; 4.1.3.1).	224
Tabelle 52:	Genliste Muster 2 (n=2.059; 4.1.3.2).	241
Tabelle 53:	Genliste Muster 3 (n=442; 4.1.3.3).	271
Tabelle 54:	Genliste Muster 4 (n=71; 4.1.3.4).	278
Tabelle 55:	Genliste Muster 5 (n=140; 4.1.3.5).	279
Tabelle 56:	Genliste Muster 6 (n=639; 4.1.3.6).	281
Tabelle 57:	A, B: Expressionsdaten aller Ephrin-Datensätze auf dem Affymetrix Chip HG U133A.	292
Tabelle 58:	Abregulierte Gene im Rezidiv vs. Riesenzellprimärtumor (n=1.467).	293
Tabelle 59:	Aufregulierte Gene im Rezidiv vs. Riesenzellprimärtumor (n=1.736).	314

Abkürzungsverzeichnis

°C	Grad Celsius
ADCC	Antikörper-vermittelte zelluläre Zytotoxizität
CAMPATH	<i>Cambridge Pathology</i>
CD	<i>Cluster of differentiation</i>
CDC	Komplement-vermittelte zelluläre Zytotoxizität
CLL	Chronisch lymphatische Leukämie
DZ	Durchflusszytometrie
ECM	Extrazelluläre Matrix
EFN	Ephrin Ligand
Eph	Ephrin Rezeptor
FDA	<i>Food and Drug Administration</i>
GPI	Glykosyl-Phosphatidyl-Inositol
h	Stunde
IF	Immunfluoreszenzfärbung
Ig	Immunglobulin
IHC	Immunhistochemie
k/kon	konventionelles Osteosarkom
L-CD52	CD52 auf Lymphozyten
M-CD52	CD52 auf mesenchymalen Tumoren
met	metastatisches Osteosarkom
min	Minute

MMP	Matrix Metalloproteinase
PI-PLC	Phosphatidyl-Inositol-spezifische Phospholipase C
PT	Riesenzellprimärtumor
RT	Riesenzelltumorrezidiv
RT-PCR	Reverse Transkriptase-Polymerase-Kettenreaktion
RZT	Riesenzelltumor des Knochens
S-CD52	CD52 auf Spermien
TIMP	<i>Tissue Inhibitor of Matrix Metalloproteinases</i>
WB	Western blot

1 Einleitung

1.1 Knochentumore

Knochentumore stellen mit nur 0,2% aller menschlichen Tumore sehr seltene primäre Neoplasien des skelettalen Systems dar, welche am häufigsten in Kindern festgestellt werden. Im Laufe der Jahre wurden Fortschritte auf dem Gebiet der histologischen und genetischen Typisierung von Knochentumoren erzielt. Auch die Kombination aus Chemotherapie und Chirurgie haben dazu geführt, dass ein signifikanter Anstieg der Überlebensraten für hoch maligne Tumore erreicht werden konnte. Die nachfolgende Arbeit befasst sich hauptsächlich mit den hochgradig malignen Osteosarkomen und Chondrosarkomen, sowie den semimaligen Riesenzell-tumoren, die eine eigene Untergruppe innerhalb der Knochentumore darstellen. Diesen Tumoren ist gemein, dass ihnen, meist bei schwieriger Lokalisation, adäquate Behandlungsstrategien fehlen, welche die Überlebensrate der Patienten steigern können.

1.1.1 Osteosarkome

Konventionelle Osteosarkome sind hochgradig maligne Tumore, die frühzeitig metastasieren. Ein klares Charakteristikum ist die von den Tumorzellen produzierte, noch unverkalkte Knochengrundsubstanz, welche als Osteoid bezeichnet wird. Das Osteosarkom ist der häufigste, nicht-hämatopoetische Knochentumor bei Kindern und Jugendlichen mit einer Inzidenz von 2-3 Fällen/1Million Einwohner/Jahr (Campanacci, 1999; Dorfman und Czerniak, 1995; Huvos, 1991) Aufgrund seiner Lokalisation im Knochen unterscheidet man intramedulläre (im Knochenmark gelegen; häufigste Lokalisation) von subperiostalen (unter der Knochenhaut gelegen), parossalen (entlang des Knochens gelegen) oder juxtacortikalen (nahe der Knochenrinde gelegen) Osteosarkomen. Meist sind die Metaphysen der langen Knochen des Skeletts wie Femur (40%), Tibia (20%) oder Humerus (10%) betroffen (Longhi et al., 2005). Mit steigendem Alter erhöht sich die Frequenz des Auftretens in

anderen Knochen wie Kiefer, Becken, Wirbelsäule und Schädel. Die Tumorzellen können epitheloide, plasmazytoide, fusiforme, ovale oder kleine runde Zellen sowie klare Zellen, mono- oder multinukleäre Riesenzellen und Spindelzellen aufweisen. In den meisten Fällen tritt eine Mischung aus zwei Zelltypen oder mehr auf. Anhand der histologisch vorherrschenden Tumorzellart (Osteoblasten, Chondroblasten, Fibroblasten) wird der Tumor in das osteoblastische (50%), chondroblastische (25%) oder fibroblastische (25%) Osteosarkom eingeteilt (Dahlin und Coventry, 1967; Dahlin und Unni, 1977; Raymond et al., 1987; Sanerkin, 1980; Unni, 1996).

Seit die Behandlung der Osteosarkome durch wirksame Chemotherapie erweitert wurde (vor allem die Kombination aus Operation und Zytostatika), konnte die Überlebensrate von 10-20% auf 50-80% gesteigert werden (Arndt und Crist, 1999; Bielack et al., 2002). Derzeit ist die operative Tumorentfernung der wichtigste Bestandteil des multimodalen Therapieansatzes.

Familiäre Syndrome, welche die Veranlagung für die Entwicklung eines Osteosarkoms tragen, sind das Retinoblastom (*RB1*), das Li-Fraumeni Syndrom (*p53*), das Rothmund-Thomson Syndrom (*RTS*), das Werner Syndrom (*WRN*) und das Blooms Syndrom (*BLM*) (Kansara und Thomas, 2007). Weiterhin konnte gezeigt werden, dass auch die Paget's Krankheit mit einem erhöhten Risiko für die Bildung von Osteosarkomen assoziiert ist (*LOH18CR1*, *SQSTM1*, *MAPK8*).

Tumorsuppressorgene wie *RB1* und *p53* stellen negative Regulatoren der Zellteilung dar. Sie kontrollieren den Zellzyklus und fördern die Apoptose. Mutationen oder Deletionen in diesen Genen erhöhen die Wahrscheinlichkeit der Tumorbildung.

RB1 ist das am besten charakterisierte Tumorsuppressorgen im Osteosarkom. Das Rb-Protein (pRb) hemmt die Progression von G₀/G₁- zur S-Phase des Zellzyklus und ist in humanen Krebsarten universell dereguliert (Grana et al., 1998; Sherr, 1996; Weinberg, 1995). Während der G₁-Phase des Zellzyklus bindet pRb an E2F und supprimiert die Funktion der Transkriptionsfaktoren E2F1, E2F2 und E2F3. Eine sequentielle Hyperphosphorylierung von pRb durch Zyklin-abhängige Kinasen (CDK4, CDK6) resultiert in der Freigabe von E2F und der Transkription von Genen, die für die Zellzyklusprogression notwendig sind (Hinds et al., 1992). Zyklin-

abhängige Kinaseinhibitoren (CDKI) bzw. p16^{INK4a} und p15^{INK4b} inhibieren die ZyklinD/CDK4-Funktion und schützen pRb vor Phosphorylierung. Dadurch werden die G₁/S-Transition und der Zellzyklusprozess blockiert (Nielsen et al., 1998; Patino et al., 2000). pRb oder seine negativen Regulatoren bzw. Inhibitoren sind im Osteosarkom entweder nicht exprimiert oder nicht aktiv. Weiterhin konnte gezeigt werden, dass der Verlust der Heterozygotie des pRb-Lokus ein schlechter prognostischer Faktor für Osteosarkome ist (Benassi et al., 1999).

Mutationen im p53-Gen sind in vielen Krankheiten mit einer schlechten Prognose und mangelhafter Wirksamkeit von Chemotherapeutika assoziiert. Dies ist im Osteosarkom kontrovers diskutiert (Gorlick et al., 1999; Miller et al., 1996; Ueda et al., 1993; Yokoyama et al., 1998). Jedoch wurden p53-Regulatoren sowie Effektoren aufgezeigt, die bei der Bildung von Osteosarkomen eine Rolle spielen. Einer dieser interagierenden Regulatoren ist MDM2 (*Mouse Double Minute 2*), welcher in 17% aller Osteosarkome amplifiziert vorliegt (Ladanyi et al., 1993; Lonardo et al., 1997; Noble-Topham et al., 1996; Park et al., 2004; Ragazzini et al., 1999). MDM2 codiert ein Protein, das in der Lage ist, sowohl pRb als auch p53 funktionell zu inaktivieren (Barak et al., 1994; Cordon-Cardo, 1995; Kansara und Thomas, 2007; Momand et al., 1992; Oliner et al., 1992; Vogelstein und Kinzler, 1992; Windle et al., 1990). Seine Überexpression ist mit Rezidiv- und Metastasenbildung assoziiert (Gisselsson et al., 2002; Ladanyi et al., 1993; Tarkkanen et al., 1995; Tsuchiya et al., 2000).

Bei der Entstehung und Progression von Osteosarkomen spielt neben der Inaktivierung von Tumorsuppressorgenen auch die Aktivierung und Überexpression von Proto-Onkogenen sowie Wachstumsfaktoren eine Rolle. Dadurch können die Zellen unabhängig von externen Wachstumssignalen proliferieren, die Apoptose wird gehemmt und die Angiogenese aktiviert. Dies führt letztendlich zur Metastasierung (Fearon und Vogelstein, 1990; Hanahan und Weinberg, 2000). Normalerweise steuern Wachstumsfaktoren und ihre dazugehörigen Rezeptoren das Wachstum und Überleben gesunder Zellen. Werden diese Wachstumsfaktoren bzw. Rezeptoren jedoch hyperaktiviert, kommt es zur malignen Transformation der Zellen, in Folge dessen sich die Zellen ungehemmt teilen können.

Die Expression der Wachstumsfaktoren TGF β (Transforming Growth Factor β) und VEGF (*Vascular Endothelial Growth Factor*) wurden im Osteosarkom analysiert. Beide sind im Osteosarkom stark exprimiert und positiv mit dem Grad der Malignität korreliert. Jedoch konnte nur für VEGF eine Korrelation mit dem Überleben beobachtet werden (Jung et al., 2005). Der Wachstumsfaktorrezeptor IGF-1R (*Insuline-like Growth Factor Receptor 1*) liegt im Osteosarkom überexprimiert vor und trägt wahrscheinlich zum invasiven Wachstum von Osteosarkom-Zellen bei (MacEwen et al., 2004). FGFR2 (*Fibroblast Growth Factor Receptor 2*) spielt eine Schlüsselrolle in der Knochenmorphogenese. Vererbte Mutationen im *FGFR2*-Gen führen zu skelettalen Deformationen (Wilkie, 1997). Der Verlust der Heterozygotie (LOH, *Loss Of Heterozygosity*) von FGFR2 auf Chromosom 10q26 konnte im Osteosarkom gezeigt werden (Mendoza et al., 2005).

Der Tyrosinkinase-Rezeptor HER2 (*Human Epidermal Growth Factor Receptor 2*) wird durch das *c-erb B2*-Onkogen kodiert. Eine Überexpression von HER2 durch Transfektion mit *c-erb B-2* in Mausfibroblasten resultiert in maligner Transformation und tumorigener Kapazität (Hudziak et al., 1987). In 40-50% der Osteosarkome wird *c-erb B2* exprimiert und korreliert mit schlechter Antwort auf präoperative Chemotherapie und Prognose sowie zeitiger Metastasenbildung (Gorlick et al., 1999; Onda et al., 1996). Die von den Tyrosinkinase-Rezeptoren ausgehende Signalweiterleitung läuft meist über intrazelluläre Proteine der Wachstumsfaktoren und deren Effektoren. Zum Beispiel übertragen Ras-Proteine die Aktivität von Rezeptor- und Nicht-Rezeptor-Tyrosinkinasen auf ein breites Arsenal von Effektor-Signalwegen. Die Ras-Proteine sind kleinen GTPasen, die im GTP-gebundenen Zustand aktiv sind und damit nachgeschaltete Effektoren binden und aktivieren können. Im GDP-gebundenen Zustand hingegen sind sie inaktiv. Ras-Gene sind die bekanntesten Proto-Onkogene, welche in vielen Tumoren mutiert oder amplifiziert vorliegen (Bos, 1989; Eisenman und Cooper, 1995). Am Ende der Signalkette stehen meist die Transkriptionsfaktoren, welche wiederum an Promotorbereiche verschiedener Gene binden können und dadurch deren Expression steigern. Bekannteste Vertreter dieser Gruppe von Onkogenen sind die „*early response transcription factors*“ Jun und Fos. cFos dimerisiert mit Mitgliedern der Jun-Familie zum AP1-Komplex und reguliert so

über die Transkription die Zellproliferation, Differenzierung und Transformation. Eine Überexpression von cFos konnte in 61% aller Osteosarkome gefunden werden (Wu et al., 1990). Den höchsten Anteil hatten dabei Patienten mit Metastasen (Gamberi et al., 1998). Die Überexpression von cJun und cFos im Osteosarkom korreliert mit höheren histologischen Graden (Franchi et al., 1998; Papachristou et al., 2003). Mäuse, die cfos unter Kontrolle des humanen Methallothionin Promotors (MT-c-fos-LTR) exprimierten, entwickelten Knochenläsionen und 15% von ihnen bildeten Osteosarkome (Ruther et al., 1987). Zelllinien, die aus cFos-induzierten Tumoren etabliert wurden, exprimieren viel exogenes cFos und sind *in vivo* alle tumorigen. In Abwesenheit der Serin/Threonin Kinase RSK2 (*Ribosomal Protein S6 Kinase*) ist die cFos-abhängige Osteosarkom-Bildung allerdings beeinträchtigt, da Fos eine geringe Stabilität aufweist. Dadurch wird die Proliferation gesenkt und die Apoptose in transformierten Osteoblasten erhöht. RSK2-abhängige Stabilisierung von cFos ist daher essentiell für die Osteosarkom-Bildung (David et al., 2005).

Weitere Ras-Zielgene sind unter anderem Matrix Metalloproteinasen (MMP's) sowie deren Inhibitoren (TIMP's). Die Bedeutung der MMP-Gene bei Invasion und Metastasierung sind seit langem bekannt (Reddy et al., 1999). Invasion und Metastasierung sind wie in allen Tumorerkrankungen die wichtigsten Gründe, die letztendlich zum Tod der Osteosarkom-Patienten führen (Ferguson und Goorin, 2001). In Osteosarkom-Zellen konnte gezeigt werden, dass MMP2 und MMP9 überexprimiert vorliegen. Die Überexpression ist dabei mit der Fähigkeit zur Metastasierung dieser Zellen assoziiert (Bjornland et al., 2005). Auch die Aufregulation von TIMP1 (*Tissue Inhibitor of Matrix Metalloproteinase 1*) ist mit schlechter Prognose in Osteosarkom-Patienten korreliert. TIMP1 fördert das Zellüberleben und das Zellwachstum in normalen nicht-neoplastischen Zellen. Diese Eigenschaft kann anscheinend MMP-unabhängig verlaufen, da gezeigt wurde, dass die Bindung von TIMP1 an ein unbekanntes Rezeptorsystem den Ras/Raf/FAK-Signalweg im Osteosarkom aktivieren kann (Kansara und Thomas, 2007). Im Gegensatz dazu liegt eine geringere Expression von RECK (*Reversion-inducing Cysteine-rich Protein with Kazal Motifs*) im Osteosarkom vor. RECK ist ein MMP-Inhibitor, der mit der proMMP2-Aktivierung invers korreliert (Kang et al., 2007). Es

konnte gezeigt werden, dass die Überexpression von RECK in Osteosarkom-Zellen zu gesenkter pro-MMP2Aktivierung und zur reduzierten Tumorinvasivität führt (Kang et al., 2007).

Basierend auf den bisherigen molekularen Erkenntnissen werden derzeit neue Ansätze getestet, die im Rahmen der Pathogenese des Osteosarkoms bzw. als mögliche therapeutische Ziele eine Rolle spielen könnten (**Tabelle 1**). Zum Beispiel wird die Verwendung des monoklonalen Antikörpers Trastuzumab gegen HER2 derzeit im Osteosarkom analysiert (Lamoureux et al., 2007).

Tabelle 1: Potentielle neue therapeutische Optionen zur Prävention und Behandlung des Osteosarkoms.

Ansatz	Ziel	Referenz
derzeitige Therapien	Resektion, Chemotherapie, Radiotherapie	(Campanacci et al., 1981; DeLaney et al., 2005; Rosen et al., 1976; Rosenburg et al., 1979; Wafa und Grimer, 2006; Whelan et al., 2002)
Immun-basierende Therapien*	GM-CSF ¹	(Anderson et al., 1999; Rao et al., 2003)
	MTP-PE ²	(Kleinerman et al., 1995; Meyers et al., 2005)
	IL2 ³	(Luksch et al., 2003)
	DC`s ^{1, 5}	(Joyama et al., 2006)
	IL12, IL23, pro-IL18, ICE ^{1, 4}	(Duan et al., 2006; Jia et al., 2003; Liebau et al., 2004)
	TIL`s ⁴	(Theoleyre et al., 2005)
Inhibierung Tumorwachstum und Angiogenese	IFN`s ³	(Edmonson et al., 1987; Nilsonne et al., 1995; Smeland et al., 2003; Strander et al., 1982; Winkler et al., 1984)
	Gentherapie mit p53 ¹	(Densmore et al., 2001; Ganjavi et al., 2006; Nakase et al., 2005; Song und Boyce, 2001)
	Anti-Angiogenese ¹ VEGF (Bevacizumab)	(Dutour et al., 2005; Papachristou und Papavassiliou, 2006)
	IGF-1 ^{1, 5}	(Kappel et al., 1994; Mansky et al., 2002; Pinski et al., 1996)

Ansatz	Ziel	Referenz
Zielgerichtete Therapeutika	Gemcitabine	(Leu et al., 2004)
	Trastuzumab	(Gorlick et al., 1999)
	Geldanamycin ⁴	(Bagatell et al., 2005)
	ETA** Rezeptorblockade (ABT-627) ^{1, 4}	(Mohammad und Guise, 2003)
	Bisphosphonate ¹	(Evodokiou et al., 2003; Heymann et al., 2005; Mackie et al., 2001; Ory et al., 2005; Sonnemann et al., 2001)
Neue therapeutische Ansätze	CXCR4	(Laverdiere et al., 2005)
	Inhibierung von mTOR	(Wan et al., 2005)
	TNF, TRAIL	(van der Veen et al., 2000)

*: Adjuvant oder Polychemotherapie. **: Endothelin-A. 1: präklinisch. 2: Phase III. 3: klinische Studien.
 4: *in vitro*. 5: klinisch. CDP: Cisplatin. CXCR: Chemokinrezeptor. DC: dendritische Zellen. GM-CSF:
Granulocyte Macrophage Colony-stimulating Factor. HER: *Human Endothelial Growth Factor*. HSP:
 Hitzeschockproteine. ICE: *IL-converting Enzyme*. IFN: Interferon. IGF: *Insulin-like Growth Factor*. mTOR:
Mammalian Target of Rapamycin. MTP-PE: *Muramyl Tripeptide Phosphatidylethanolamine*. TIL: *Tumor-*
infiltrating Lymphocyte. TNF: *Tumor Necrosis Factor*. TRAIL: *TNF-related Apoptosis-inducing Ligand*

1.1.2 Chondrosarkome

Chondrosarkome sind eine heterogene Gruppe von malignen Tumoren des Knorpels mit unterschiedlichem klinischen Verhalten und morphologischen Eigenschaften. Primäre (konventionelle) Chondrosarkome stellen 20% der Knochentumore dar. Somit sind sie mit einer Inzidenz von rund 3/100.000 Einwohner/Jahr die zweithäufigste maligne Knochenneoplasie nach dem Osteosarkom (Streitbuerger et al., 2006). Die Mehrheit der Betroffenen sind über 50 Jahre, womit der Höhepunkt des Auftretens in der 5.-7. Lebensdekade liegt (Fletcher, 2002). Die am häufigsten betroffenen Knochen sind die des Beckens, gefolgt von Femur, Schultergürtel und Humerus (Lee et al., 1999; Soderstrom et al., 2003). Therapeutisch lassen sich Chondrosarkome sehr schwer behandeln, da besonders für die hochgradig malignen Chondrosarkome effektive adjuvante Therapien fehlen. Mehrere Studien haben gezeigt, dass sich trotz einer adäquaten chirurgischen Behandlung häufig Metastasen bzw. Lokalrezidive bilden (Fiorenza et al., 2002; Grimer et al., 2000; Lee et al., 1999;

Soderstrom et al., 2003). Auch der Einsatz der Chemotherapie konnte die Überlebensrate nicht signifikant steigern (Dickey et al., 2004).

1.1.3 Riesenzelltumore

Riesenzelltumore der Knochen sind primäre osteolytische Neoplasien und stellen 4-5% aller Knochentumore dar (Gamberi et al., 2003). Erstmals wurden sie 1940 von *Jaffe* und *Poartis* (Jaffe und Poartis, 1940) publiziert, die sie auf Grund ihrer hohen Anzahl an Osteoklastenähnlichen multinukleären Riesenzellen als „Osteoklastome“ bezeichneten. Im Prinzip kann jede Läsion der Knochen Riesenzellen beinhalten. Um den Riesenzelltumor auch als solchen bestimmen zu können, muss die Neoplasie aus einer Kombination von runden bis ovalen mononukleären Zellen und Riesenzellen bestehen. Weiterhin müssen die Nuklei der Riesenzellen sehr ähnlich denen der mononukleären Zellen sein. Die bevorzugte Lokalisation des Riesenzelltumors sind die Enden der langen Röhrenknochen wie Femur, Tibia und Radius sowie Humerus, Fibula, Schädel und Keilbein (Bertoni et al., 1992; Emley, 1971; Gamberi et al., 2003; Miszczyk et al., 2001; Wolfe et al., 1983). Am häufigsten befällt er Jugendliche nach dem Verschluss ihrer Wachstumsfugen (Carrasco und Murray, 1989; Salzer-Kuntschik, 1998). Nach intraläsionaler Kürretage haben 80% der Riesenzelltumore typischerweise einen benignen Verlauf mit einer Rezidivierungsrate von 20-50% (Ghert et al., 2002; Masui, 1998; Rock, 1990). Wenige benigne Riesenzelltumore können maligne entarten und Metastasen bilden, die typischerweise die Lungen befallen (Campanacci et al., 1987; Olivera et al., 2002). Daher wird diese Läsion auch als „semimaligne“ bezeichnet.

Riesenzelltumore bestehen histologisch aus drei verschiedenen Zelltypen (Brecher et al., 1986; Burmester et al., 1983; Cheng et al., 2004; Goldring et al., 1986; Goldring et al., 1987; Huang et al., 2000; Olivera et al., 2002): 1.) Den charakteristischen multinukleären Riesenzellen, welche Calcitoninrezeptoren und andere Osteoklastenmarker exprimieren und eine TRAP (Tartrat-resistente saure Phosphatase)-Aktivität aufweisen. Diese werden durch die Fibroblasten-ähnlichen Zellen stimuliert und führen so zur Osteolyse des Knochens (Mendenhall et al.,

2006). 2.) Den spindelförmigen Fibroblasten-ähnlichen mesenchymalen Stromazellen, die als einzige unter Zellkulturbedingungen proliferieren und damit vermutlich die Tumorkomponente des Riesenzelltumors darstellen (Komiya et al., 1990; Zheng et al., 2001). Der Ursprung der neoplastischen Stromazellen ist bis heute ungeklärt. Derzeit wird davon ausgegangen, dass diese Zellen die Transformation der mononukleären Zellen zu multinukleären Riesenzellen begünstigen (Cheng et al., 2004; Gamberi et al., 2000; Gamberi et al., 2004; Gamberi et al., 2003; Huang et al., 2000; Lindeman et al., 2004; Nakashima et al., 2003; Robinson et al., 2002; Roux et al., 2002). 3.) Den morphologisch runden mononukleären Zellen, welche CD68-positiven phagozytischen Monozyten ähneln und daher als Makrophagen-ähnliche Zellen bezeichnet werden.

Die Mutation von *p53*, *MDM2* und *HRas* korreliert mit maligner Transformation von Riesenzelltumoren (Finkelstein et al., 1999). Weiterhin haben Studien gezeigt, dass die erhöhte IL6-Produktion in Riesenzelltumoren durch verstärkte Expression von Jun hervorgerufen werden kann (Wuelling et al., 2004). Die Induktion der Jun-Expression resultiert in einer transkriptionellen Deregulation potentieller Jun-Zielgene. Vermutlich erhalten dadurch die fibroblastären Zellen die Fähigkeit zur Proliferation und neoplastischen Transformation. Zielgene der transkriptionellen Kontrolle von Jun sind *Cathepsin L* und *TIMP3* (Janulis et al., 1999; Puyraimond et al., 1999). Mittels Microarray konnte gezeigt werden, dass im Riesenzelltumor *TIMP3* abreguliert und *Cathepsin L* aufreguliert vorliegen (Wuelling et al., 2004). Auch die Aufregulation von MMP2 und MMP9 im Riesenzelltumor-Gewebe wird durch Jun beeinflusst (Rao et al., 1999; Teti et al., 1998; Wuelling et al., 2004). Weitere, potentiell wichtige, Regulatoren in der Entstehung und Progression von Riesenzelltumoren sind NME2 (*Nonmetastatic Cells 2, Protein Expressed*) und Myc (Gamberi et al., 2004; Wuelling et al., 2004).

1.2 Ephrine und Ephrin Rezeptoren

Ephrine (EFN) und ihre Rezeptoren (Eph) bilden die größte Gruppe der Rezeptor-Tyrosinkinasen. Dies sind membrangebundene Proteine, die als Ligand-Rezeptor-Paar agieren und zur Tyrosin-spezifischen Phosphorylierung führen können (Boyd

und Lackmann, 2001; Brambilla et al., 1995; Dodelet und Pasquale, 2000; Flanagan und Vanderhaeghen, 1998; Friedman und O'Leary, 1996; Gale und Yancopoulos, 1997; Klein, 2001). Die meisten Rezeptor-Tyrosinkinasen beeinflussen zelluläre Funktionen wie Zelldifferenzierung, Zellproliferation, die Förderung des Zellüberlebens und Änderungen im Zellstoffwechsel (Lodish, 1996).

Der erste, 1987 in Erythropoetin-produzierenden Zellen des Leberkarzinoms entdeckte, Rezeptor der Ephrinfamilie wurde EphA1 getauft (Hirai et al., 1987). Eine einheitliche Namensgebung für die Mitglieder der Eph und EFN Familie wurde vom Ephrin-Nomenklatur-Komitee festgelegt und stellt die derzeit gültige Bezeichnung aller Ephrin Rezeptoren sowie deren Liganden dar (Committee, 1997). In Vertebraten existieren zehn EphA-Rezeptoren, sechs EFNA-Liganden sowie sechs EphB-Rezeptoren und drei EFNB-Liganden (Murai und Pasquale, 2003; Orioli und Klein, 1997; Pasquale, 1997; Pasquale, 2004; Tuzi und Gullick, 1994). In *Drosophila melanogaster* kommen nur ein Rezeptor und ein Ligand vor, in *Caenorhabditis elegans* sind derzeit ein Eph sowie vier EFN bekannt (Bossing und Brand, 2002; George et al., 1998; Scully et al., 1999; Wang et al., 1999). Weiterhin wurden im Zebrafisch (*Danio rerio*), im Krallenfrosch (*Xenopus*) sowie in Hühnerembryos Analysen zur Ephrin-Expression durchgeführt (Boyd und Lackmann, 2001).

Basierend auf Sequenzhomologie und Bindungspräferenz werden die Ephrine in zwei Klassen eingeteilt: Ephrine vom A-Typ, deren Liganden durch einen Glykosyl-Phosphatidyl-Inositol (GPI)-Anker an der Zelloberfläche befestigt sind und Ephrine vom B-Typ, die eine extra- und intrazelluläre Domäne aufweisen (Davy und Soriano, 2005). Meist binden Mitglieder der A-Klasse-Liganden an Rezeptoren vom EphA-Typ. Mitglieder der B-Liganden bevorzugen EphB-Klasse-Rezeptoren. Ausnahmen von dieser Regel stellen EphA4 (Rezeptor für EFNB2 und EFNB3) und EFNA5 (Bindung an EphB2) dar, die sowohl eigene A-Typen sowie Angehörige aus der B-Klasse erkennen (Davy und Soriano, 2005; Himanen et al., 2004; Kullander et al., 2001). Neueste Daten lassen vermuten, dass die Interaktion zwischen den A- und B-Klassen funktionell sein kann. Beispielsweise führt die Bindung von EFNA5 an EphB2 zum Zusammenbruch des Wachstumskegels in Axonen und zur Retraktion von Neuriten im geeigneten Modellsystem (Himanen et al., 2004).

1.2.1 Aufbau von Ephrin Liganden und Ephrin Rezeptoren

Ephrin Rezeptoren sind Typ-I-Transmembranrezeptoren (**Abbildung 1**). Sie besitzen einen extrazellulären Teil, welcher die Ligandenbindungsdomäne, sowie eine cysteinreiche Region mit einem EGF (*Epidermal Growth Factor*)-ähnlichen Motiv und zwei Fibronektin-III-*Repeats* aufweist. Daran schließt sich das membranumspannende Segment und der zytoplasmatische Teil an. Dieser besteht aus einem hoch konservierten Motiv (YIDPFTYEDP), aus der Tyrosinkinasedomäne und dem SAM-Motiv (*Sterile Alpha Motif*; (Andres und Ziemiecki, 2003; Himanen und Nikolov, 2003; Labrador et al., 1997). Abschließend findet man noch eine PDZ-Bindungsdomäne am C-terminalen Ende des Proteins (Himanen und Nikolov, 2003). Das SAM-Motiv ist vermutlich an der Bildung der Heterodimere zwischen den Rezeptoren beteiligt, womit seine Funktion Oligomerisierung und Aktivierung umfasst (Andres und Ziemiecki, 2003; Stapleton et al., 1999; Thanos et al., 1999). Oligomerisierung und Konzentration der Rezeptoren und Liganden auf der Zelloberfläche sind essentiell für ihre Signalfunktion. Beides wird durch ihre Lokalisation in Membranmikrodomänen reguliert.

Ephrin Rezeptoren können nicht nur mit ihren Liganden, sondern auch mit anderen Oberflächenmolekülen (Bsp. Ryk, ARMS oder NDMA) kommunizieren (Dalva et al., 2000; Henderson et al., 2001; Katso et al., 1999; Kong et al., 2001; Takasu et al., 2002). Dalva et al. 2000 zeigten, dass die Aktivierung von EphB durch EFNB zur Assoziation von EphB mit dem NDMA (N-Methyl-D-Aspartat)-Rezeptor führt. Dies ist ein wichtiger Schritt bei der Entwicklung und Funktion von Synapsen (Dalva et al., 2000).

Ephrin Liganden besitzen eine hoch konservierte extrazelluläre Rezeptorbindungsdomäne (Himanen und Nikolov, 2003). B-Ephrine haben zusätzlich einen konservierten zytoplasmatischen Teil, welcher Tyrosinbindungsstellen und ein PDZ-Bindungsmotiv enthält (**Abbildung 1**). Sowohl Tyrosinphosphorylierung als auch die Bindung des PDZ-Motivs sind für die rückläufige Signalübertragung notwendig (Cowan und Henkemeyer, 2001; Davy et al., 2004).

Ephrin A/B Rezeptor

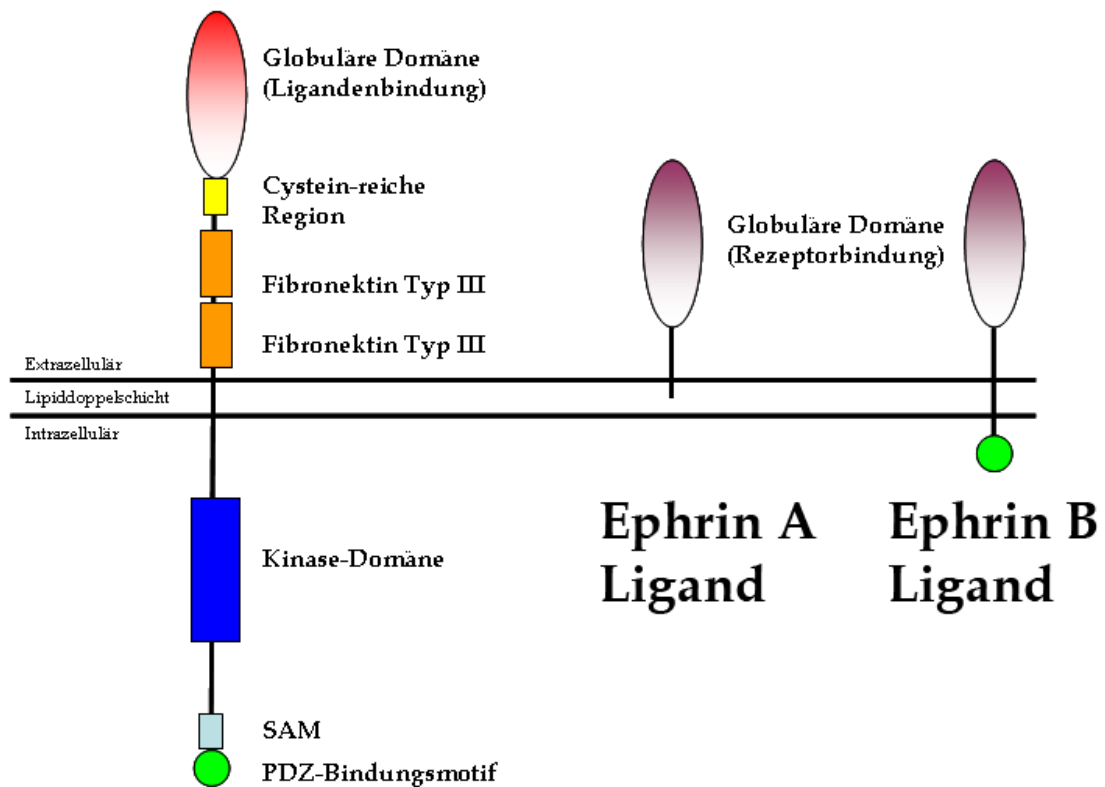


Abbildung 1: Aufbau von Ephrin Liganden und Ephrin Rezeptoren.

1.2.2 Ephrin Ligand-Ephrin Rezeptor-Signalübertragung

Kristallographische Studien haben gezeigt, dass der Ligand-Rezeptor-Komplex der Ephrinfamilie eine einzigartige Form der Liganden-Rezeptor-Erkennung aufweist (Himanen und Nikolov, 2003; Himanen et al., 2001). Zwei Eph-EFN Dimere formen ein zirkuläres Tetramer, bei dem jeder Ligand mit zwei Rezeptoren und jeder Rezeptor mit zwei Liganden interagiert (**Abbildung 2**). Die Eph- und EFN-Moleküle sind in diesem Komplex präzise positioniert und orientiert. Diese Komplexe können dann zu größeren Gruppen aggregieren, wobei deren Größe von der Dichte der Ephrine auf der Zelloberfläche abhängt (Smith et al., 2004). PDZ-beinhaltende Proteine, die am C-Terminus von Eph beziehungsweise an B-Klasse Ephrinen gebunden sind, helfen, diese Komplexe zu stabilisieren (Pasquale, 2005).

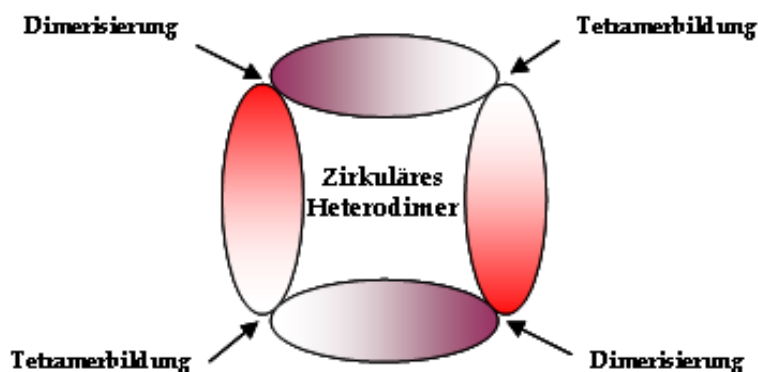


Abbildung 2: Ephrin Ligand-Ephrin Rezeptor Komplex.

Zwei Eph-EFN Dimere formen ein zirkuläres Tetramer, bei dem jeder Ligand mit zwei Rezeptoren und jeder Rezeptor mit zwei Liganden interagiert. Darstellung in Anlehnung an Murai und Pasquale 2003.

Eine wichtige Voraussetzung für die Interaktion von Ephrinen und Ephrin Rezeptoren ist der Zell-Zell-Kontakt, da sowohl die Liganden als auch die Rezeptoren membrangebunden vorliegen (Pasquale, 2005). Die Interaktion kann

vielfältige Konsequenzen haben, wie durch die teilweise widersprüchlichen Beobachtungen dokumentiert wird.

1. Die Interaktion von Rezeptor und Ligand benötigt Zell-Zell-Kontakt und vermittelt eine starke Zelladhäsion. Die darauf folgenden intrazellulären Signale (vorwärtsgerichtet oder rückläufig) können jedoch die Trennung beider Zellen induzieren, bzw. die Adhäsion verstärken. Nach Bindung des Liganden wird die Tyrosinkinasedomäne des Rezeptors transphosphoryliert, wodurch ein „*forward signaling*“ (vorwärts gerichtete Signalweiterleitung) in der Rezeptor-exprimierenden Zelle initiiert wird. Da jedoch sowohl der Rezeptor als auch der Ligand membrangebunden vorliegen, kann die Phosphorylierung der zytoplasmatischen Domäne von B-Liganden sowie deren PDZ-Motiv gleichzeitig eine rückläufige Signalübertragung („*reverse signaling*“) vermitteln (Flanagan und Vanderhaeghen, 1998; Henkemeyer et al., 1996; Himanen und Nikolov, 2003; Kullander und Klein, 2002; Kullander et al., 2001; Murai und Pasquale, 2003; Wilkinson, 2001). Auch A-Klasse Liganden können rückläufige Signalwege aktivieren und so das Zellverhalten modifizieren.
2. Rezeptorsignale können bei variabler Intensität unterschiedliche Effekte hervorrufen. Interessant ist, dass ein geringes Signalniveau an vorwärts gerichteter Signalweiterleitung anziehende Effekte hervorrufen kann, aber in abstoßende Prozesse wechselt, wenn sich das Signalniveau erhöht (Hansen et al., 2004; Hindges et al., 2002; Huynh-Do et al., 1999; McLaughlin et al., 2003). Weiterhin gibt es Hinweise darauf, dass unterschiedliche Zellantworten zeitlich variabel zustande kommen können, zum Beispiel durch initiale Adhäsion und Attraktion, welche später zur Repulsion wechselt (Hattori et al., 2000; Marston et al., 2003).
3. Der Verlust von Ephrinen in einzelnen Zellpopulationen hat schwerwiegendere Folgen als der Verlust ihrer Expression in allen Zellen. Abstoßende Ephrin-Signale vermitteln eine Sortierung der Zellen. So werden Subpopulationen von Zellen, die durch unterschiedliche Ephrin-Expression markiert sind, vor einer Vermischung geschützt (Wilkinson, 2001). Dies konnte anhand von Ephrin B1 „*knockout*“ Mäusen gezeigt werden (Compagni et al., 2003; Davy et al., 2004).

Beispielsweise ist das *EFNB1*-Gen auf dem X-Chromosom lokalisiert. Zufällige X-Inaktivierung in weiblichen heterozygoten Mäusen (*efnB1*^{-/+}) bildeten Populationen mit *efnb1*-positiven und *efnb1*-negativen Zellen, die sich voneinander absonderten. Der Verlust der Ephrin-Expression in dieser Population führte zu schweren Defekten (beispielsweise skelettale Deformationen), da die Ephrin Expression nicht homogen war (Twigg et al., 2004; Wieland et al., 2004). Fehlen jedoch dem gesamten Organismus bestimmte Ephrine, kann der Verlust durch redundante Proteine ausgeglichen werden und die Defekte werden kompensiert.

1.2.3 Funktion von Ephrinen

Ephrine werden während der Entwicklung von Embryonen, im Nervensystem, im vaskulären und spezialisierten Endothel sowie in adulten Organen (Bsp. Brustdrüse, Lunge und Nieren) exprimiert (Andres und Ziemiecki, 2003; Frisen et al., 1999; Himanen und Nikolov, 2003; Holder und Klein, 1999; Orioli und Klein, 1997). Sie kommen jedoch auch in verschiedenen Krebsarten wie zum Beispiel Colon-, Leber-, Lungen-, Mamma-, Ovarial-, Prostata- und ösophagealen Karzinomen, Glioblastomen, Melanomen und Leukämien vor (Surawska et al., 2004). Meist sie in aggressiven Stadien der Tumorentwicklung und in invasiven Tumorzellen überexprimiert (Dodelet und Pasquale, 2000).

Ephrine sind wichtig für die Vermittlung diverser biologischer Aktivitäten. Aktivierte Ephrin Rezeptoren zeigen ihren Haupteffekt nicht im Bezug auf die Zellproliferation (Dodelet und Pasquale, 2000). Stattdessen üben Eph gebunden an EFN eine Kontrolle der direkten Bewegung und Form der Zellen, Zellteilung, Zellanheftung, Axonführung, Bildung neuronaler Wachstumskegel, Angiogenese und Etablierung des embryonalen Bauplans aus (Bovenkamp und Greer, 2001; Brittis et al., 2002; Bruckner et al., 1997; Drescher et al., 1997; Flanagan und Vanderhaeghen, 1998; Himanen und Nikolov, 2003; Hynes, 2002; Knoll und Drescher, 2002; McLennan und Krull, 2002; Ogawa et al., 2000; Orioli und Klein, 1997; Pasquale, 1997; Pasquale, 2005; Sharfe et al., 2002; Surawska et al., 2004; Wilkinson, 2000).

Ephrine regulieren die Aktindynamik durch Aktivierung kleiner GTPasen der Rho-Familie. Rho fördert die Bildung von Stressfasern, Rac fördert die Bildung von Lamelopodien und CDC42 die der Filopodien (Nobes und Hall, 1995). Weiterhin spielen sie eine Rolle im Rahmen der zellulären Transformation, der Metastasierung und der Angiogenese (Nakamoto und Bergemann, 2002; Oike et al., 2002). Ephrine (EFNB1, EphA4 und EphB1) üben außerdem noch Funktionen bei der Thrombozytenaggregation aus, da die Interaktion von Eph und EFN für diesen Prozess notwendig ist (Prevost et al., 2002). BEphrine und deren Rezeptoren spielen bei der Angiogenese während der embryonalen Entwicklung eine wichtige Rolle. So wird in embryonalen Arterien nur EFNB2 exprimiert, während in embryonalen Venen nur EphB4 vorkommt (Andres und Ziemiecki, 2003).

1.2.4 EphA2

EphA2 wurde primär in adulten humanen Epithelzellen gefunden (Lindberg und Hunter, 1990). Die höchste Bindungsaffinität wurde für EFNA3 festgestellt, jedoch können auch andere A-Liganden an EphA2 binden (Bartley et al., 1994; Pasquale, 1997). Die zelluläre Funktion von EphA2 im normalen Epithel ist unklar, aber Tumor-Modelle lassen eine Rolle des Rezeptors in der Regulierung von Zellwachstum, Migration und Angiogenese vermuten (Andres et al., 1994; Ganju et al., 1994; Pandey et al., 1994; Pandey et al., 1995; Rosenberg et al., 1997). Eine Überexpression des EphA2-Rezeptors wurde in Geweben sowie in Zellen des Mamma- (Ogawa et al., 2000; Zantek et al., 1999; Zelinski et al., 2001), des Colon- (Ogawa et al., 2000; Rosenberg et al., 1997), des Prostata- (Walker-Daniels et al., 1999) und in nicht-kleinzelligen Lungenkarzinomen (D'Amico et al., 2001; Ogawa et al., 2000) sowie in aggressiven Melanomen (Easty und Bennett, 2000; Hess et al., 2001) gefunden.

In verschiedenen Karzinomen (Blasen-, Colon-, Magen-, Mamma- und Prostatakarzinom) konnte nachgewiesen werden, dass EphA2 unphosphoryliert vorliegt (Abraham et al., 2006; Dail et al., 2006; Macrae et al., 2005; Nakamura et al., 2005; Noblitt et al., 2004; Potla et al., 2002; Pratt und Kinch, 2002; Walker-Daniels et

al., 2002; Zantek et al., 1999; Zelinski et al., 2001). Dies beruht auf der Tatsache, dass die EphA2-Rezeptoren in malignen Zellen, die ein hohes Niveau an EphA2 aufweisen, misslokalisiert vorliegen. Meist sind sie in so genannten „*Membrane Ruffles*“ aggregiert. Dadurch können sie ihre Liganden nicht binden und werden nicht phosphoryliert. Dies erhöht die Adhäsion der Zellen an die extrazelluläre Matrix und somit das metastatische Potential (Ruoslahti, 1999). Als Beispiel hierfür können MCF-10A Mammakarzinom-Zelllinien herangezogen werden. Kann EphA2 in diesen Zellen nicht mit seinem Liganden EFNA1 interagieren, führt dies zur tumorigenen Transformation der Zellen (Zelinski et al., 2001). Behandelt man MCF-10A Zellen oder andere EphA2-überexprimierende Tumore mit dem löslichen Liganden EFNA1/Fc, wird der Rezeptor phosphoryliert und das onkogene Potential von EphA2 wird aufgehoben. Interessant ist, dass bei manchen Tumoren sowohl EphA2 als auch EFNA1 gemeinsam exprimiert werden (Blasen-, Magen-, Ovarial- und Vulvakarzinom), während im Mammakarzinom eine inverse Proportionalität von Rezeptor und Ligand vorliegt (Abraham et al., 2006; Herath et al., 2006; Holm et al., 2006; Macrae et al., 2005; Nakamura et al., 2005).

1.3 CD52

CD52 ist ein Glykosyl-Phosphatidyl-Inositol (GPI)-verankertes Protein, welches auch als CAMPATH-1H-Antigen bezeichnet wird. Die Expression erfolgt auf mehr als 95% der normalen, aber auch auf malignen Lymphozyten, Monozyten, Makrophagen und Eosinophilen (Elsner et al., 1996; Hale et al., 1983; Hale et al., 1985; Hale et al., 1990; Riechmann et al., 1988; Xia et al., 1993). Neutrophile Granulozyten, Thrombozyten und Erythrozyten zeigen keine CD52-Expression (Elsner et al., 1996; Gilleece und Dexter, 1993). Weiterhin wird CD52 in epithelialen Zellen der distalen *Epididymis* und des *Vas deferens*, sowie auf Spermien während ihres Verlaufes durch die Nebenhoden exprimiert (Hale et al., 1993; Kirchhoff, 1996; Kirchhoff et al., 1993; Krull et al., 1993; Yeung et al., 1997).

Die Struktur von CD52 ist sehr ungewöhnlich. Es ist mit nur 12 Aminosäuren sehr klein, am C-Terminus mit der GPI-Domäne in der Membran verankert und N-terminal stark glykosyliert (Treumann et al., 1995; Xia et al., 1993; Xia et al., 1991). Es wird vermutet, dass das große N-gebundene Oligosaccharid gegenüber dem kleinen CD52-Kernprotein die Besonderheit von CD52 im Bezug auf mögliche Interaktionen mit anderen Molekülen und/oder Oberflächenmolekülen darstellt (Treumann et al., 1995). Eine Unterteilung in CD52-I und CD52-II wurde auf Grund seiner unterschiedlichen Hydrophobizität und seiner Sensitivität für die Phosphatidyl-Inositol-spezifische Phospholipase C (PI-PLC) vorgenommen (Treumann et al., 1995). Andere Studien konnten zeigen, dass PI-PLC sensitive GPI-Anker, wie sie in CD52-I vorkommen, bzw. PI-PLC-resistente Anker (CD52-II), oft vom Zelltyp abhängen (Richier et al., 1992; Toutant et al., 1990; Wong und Low, 1994).

CD52 auf Spermien (S-CD52) unterscheidet sich von CD52 auf Lymphozyten (L-CD52) hinsichtlich der Karboxylgruppen und des GPI-Ankers (**Abbildung 3, Tabelle 2**). Beide besitzen aber das gleiche Vorläuferpeptid (Kirchhoff et al., 1993; Schroter et al., 1999), da die mRNS vom gleichen Gen abstammen (Kirchhoff, 1996; Kirchhoff et al., 1993).

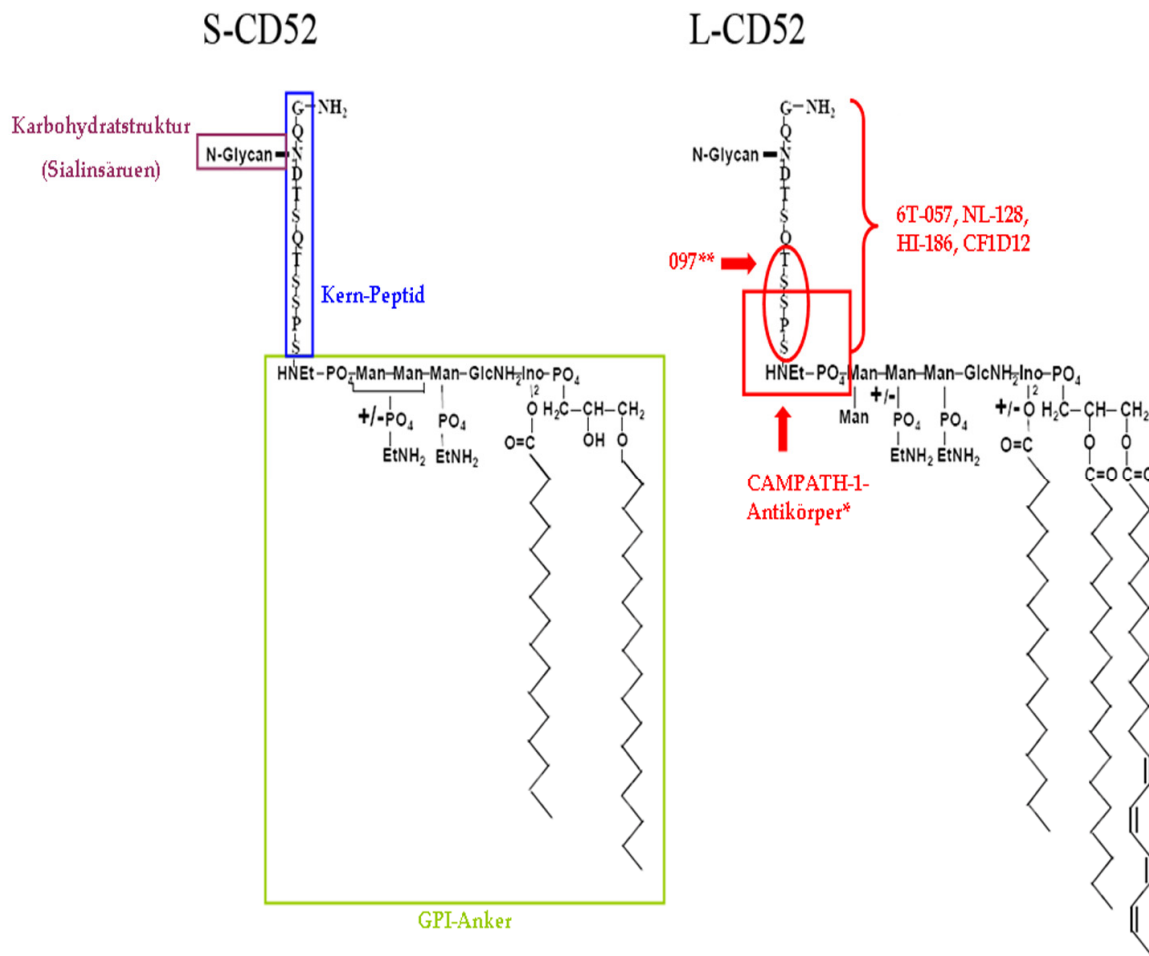


Abbildung 3: Struktur von S- und L-CD52 und Bindungsstellen der CD52-Antikörper. *:

CAMPATH-1M und CAMPATH-1G aus Waldmann-Laboratorien Cambridge. **: 097 = aus Bernhard's Laboratorien in Nizza. In Anlehnung an Schröter, S. 1999 (Dissertation), Hale, G. 2001.

Tabelle 2: Spezifische Unterschiede zwischen CD52 auf Lymphozyten (L-CD52) und CD52 im männlichen Genitaltrakt (S-CD52).

Komponente	Eigenschaft	L-CD52	S-CD52
Typen		CD52-I, CD52-II	keine
GPI-Anker	Inositol-Acetylierung	50%	80%
	Zusätzliche Mannose am GPI-Anker	1	Keine
N-Glykane	Anzahl	10-20	50-110
	Struktur	Tetraantennär	bi- bis hexaantennär
	Laktosamine	Vorhanden	vorhanden (max. 5)
	Größe der Oligosaccharide	unbekannt (mind. 16)	12 bis max. 31
	Lewis-Struktur	nicht gefunden	bei 10-20%

GPI: Glykosyl-Phosphatidyl-InositolAnker. PI: Phosphatidyl-Inositol. PI-PLC: Phosphatidyl-Inositol-spezifische Phospholipase C. In Anlehnung an Schröter, S. 1999 (Dissertation).

Die physiologische und funktionelle Rolle von CAMPATH-1H auf Lymphozyten ist derzeit noch ungeklärt. Jedoch besitzt dieses Antigen eine Vielzahl an positiven Eigenschaften, die es zu einem ausgesprochen guten Ziel für therapeutische Optionen macht. Dazu gehören die hohe Dichte der Proteine (5×10^5 Moleküle/Lymphozyt) sowie die gut zugängliche Antikörperbindungsseite auf der Zelloberfläche (Bindon et al., 1988; Hale, 2001). Der derzeit therapeutisch genutzte CD52-Antikörper (CAMPATH-1H, Alemtuzumab; (Riechmann et al., 1988) zeigt eine hohe Effizienz bei der Zerstörung von Lymphozyten mittels Komplementaktivierung oder Antikörper-vermittelter zellulärer Zytotoxizität (Dyer et al., 1989; Greenwood et al., 1993; Heit et al., 1986; Riechmann et al., 1988; Xia et al., 1993).

CAMPATH-1H ist ein humanisierter Antikörper, bei dem die hypervariable Region des Maus-Antikörpers CAMPATH-1G in die *Framework*-Region des humanen IgG₁ eingefügt wurde (Riechmann et al., 1988). Auch sind diese CD52-Antikörper in der Lage, die Abtötung von Zellen durch Antigen-Quervernetzung zu fördern (Hale et al., 1996; Wing et al., 1995). Stanglmeier et al. 2004 vermuteten bei der Behandlung von Patienten mit chronisch lymphatischer Leukämie (CLL) durch CAMPATH-1H eine

Caspase-unabhängige Form der Apoptose. Weitere Studien haben gezeigt, dass induzierte Apoptose in T- bzw. B-Zelllymphomen und in CLL-Zellen auch ohne Komplementaktivierung erfolgen kann (Nuckel et al., 2005; Rowan et al., 1998). Der derzeitige Anwendungsbereich von CAMPATH-1H liegt in der Behandlung von lymphoproliferativen Krankheiten und in der Zerstörung von Lymphozyten nach Knochenmarkstransplantationen (Dearden, 2002; Enblad et al., 2004; Hale et al., 1988; Keating et al., 2002; Keating et al., 2002; Lundin et al., 2003). Weiterhin wird CAMPATH-1H zur Kontrolle bei „*Graft versus Host*“ Krankheiten und in neuerer Nutzung auch bei der Behandlung der Behcet`s Krankheit und multipler Sklerose eingesetzt (Ettenger und Yadin, 1995; Hale und Waldmann, 1994). Weitere therapeutische Optionen des CD52-Antikörpers siehe **Tabelle 3**.

Tabelle 3: Klinische Studien und mögliche Anwendungsbereiche von CAMPATH-1H.

Krankheit	Literatur
Chronisch lymphatische Leukämie (CLL)*	(Bowen et al., 1997; Dearden, 2002; Faderl et al., 2005; Keating et al., 2002; Lundin et al., 2002; Mavromatis und Cheson, 2003; McCune et al., 2002; Osterborg et al., 1997; Osterborg et al., 1996)
Prolymphozytische Leukämie (T-PLL)**	(Dearden, 2004; Dearden, 2002; Dearden et al., 2001; Keating et al., 2002; Pawson et al., 1997)
Adulte T-Zellleukämie (ATL)	(Mone et al., 2005; Ravandi und Faderl, 2006)
T-Zelllymphom	(Dearden, 2004; Dearden, 2002; Enblad et al., 2004)
Harrzelleukämie	(Quigley et al., 2003)
Langerhans-Zellhistiozytose	(Jordan et al., 2005)
T-Zell lymphozytäre Leukämie	(Rosenblum et al., 2004)
Non-Hodgkin`s Lymphom (NHL), Hodgkin`s Krankheit	(Dearden, 2002; Giles et al., 2003; Hale et al., 1988; Lundin et al., 1998)
Idiopathisches hypereosinophiles Syndrom	(Sefcick et al., 2004)
Therapie bei Transplantaten und Transplantatabstoßungen	(Giralt, 2006; Hale und Waldmann, 1994; Kirk et al., 2003; Magliocca und Knechtle, 2006; Tzakis et al., 2003; Waldmann et al., 1984)
<i>Mycosis fungoides</i> , Sezary Syndrom	(Lundin et al., 2003; Lundin et al., 1998)
Behcet`s Krankheit	(Lockwood et al., 2003)
Rheumatoide Arthritis	(Watts et al., 1993)
Multiple Sklerose	(Coles et al., 1999; Cox et al., 2005)
Systemischer Vaskulitis	(Lockwood et al., 2003)
Autoimmune Zytopenie	(Marsh und Gordon-Smith, 2001)

*zugelassen durch FDA (Food and Drug Administration); **CAMPATH-1H wirkt sehr effektiv.

2 Problemstellung

Diese Dissertation befasst sich mit der Analyse skelettaler Tumore, wobei drei verwandte, aber unterschiedliche Themengebiete bearbeitet wurden. Da die drei Abschnitte inhaltlich verschieden sind, werden sie jeweils anschließend an den Ergebnisteil diskutiert. **Abbildung 4** soll verdeutlichen, wie die jeweiligen analysierten Gebiete thematisch aneinander gebunden sind.

Der erste Abschnitt der Arbeit (**Kapitel 4**) behandelt die Microarray Analyse von Osteosarkomen. Im Speziellen werden auf das Expressionsprofil von Ephrin Liganden und Ephrin Rezeptoren eingegangen. Die im Osteosarkom verglichen mit nicht-neoplastischen humanen primären Osteoblasten überexprimierten Mitglieder dieser Familie werden im Gewebe validiert. Weiterhin wird der funktionelle Zusammenhang von EFNA1 und EphA2 in Osteosarkom-Zelllinien untersucht.

Im zweiten Teil der Arbeit (**Kapitel 5**) wird die molekulare Charakterisierung von Riesenzelltumoren mittels Microarray Analyse und die Validierung der Gene *AMFR*, *CD52*, *Claudin7*, *EphA1* und *FGFR3* beschrieben. Im Detail wird auf die Unterschiede zwischen Primärtumoren und Rezidiven eingegangen, um Gene zu finden, die möglicherweise an der Entstehung von Riesenzelltumoren beteiligt sind und therapeutische Angriffspunkte für zukünftige Therapien bilden.

Der letzte Abschnitt (**Kapitel 6**) bezieht sich auf die Analyse des Oberflächenmarkers CD52 in osteogenen Tumoren. Im Speziellen werden Osteosarkome, Chondrosarkome und Riesenzelltumore untersucht. Ein möglicher therapeutischer Einsatz des CAMPATH-1H Antikörpers bei der Behandlung von Osteosarkomen wird anhand von Osteosarkom-Zellen untersucht und diskutiert.

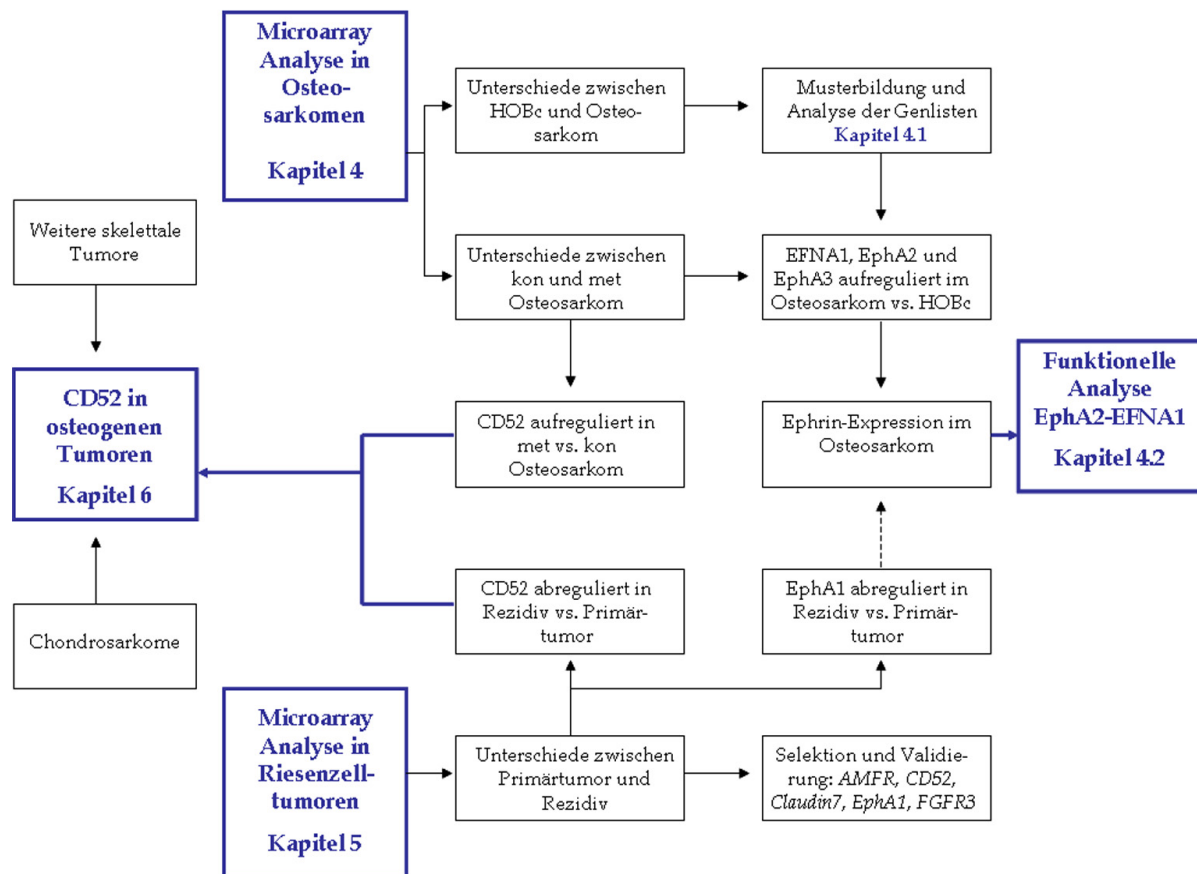


Abbildung 4: Inhaltliche Zugehörigkeit der Kapitel 4-6.

kon: konventionelle Osteosarkome. met: metastatische Osteosarkome.

3 Material und Methoden

3.1 Materialien und Geräte

Tabelle 4: Patientendaten der Osteosarkom-Gewebe.

Nr.	Typ	Subtyp	G	Alter	Lokalisation	Grad	Chemo.	Responder	R*	Status
OS1	k	ob	w	15	Femur	3	ja	nein	V	tot
OS2	k	ob, fb	m	16	Tibia	3	ja	ja	III	lebt
OS3	k	ub	m	74	Humerus	3	ja	nein	V	tot
OS4	met	ob, cb	m	40	Lunge	3	ja	ja	ub	lebt
OS5	met	fb	m	59	Lunge	3	adjuvant	entfällt	ub	tot
OS6	met	ob, cb	w	21	Lunge	3	adjuvant	entfällt	ub	tot
OS7	met	ob, cb, fb	w	20	Lunge	3	nein	entfällt	ub	tot
OS9	k	ob	m	23	Tibia	3	ja	nein	V	tot
OS10	met	fb, ob	m	24	Lunge	2	ja	nein	ub	tot
OS11	met	ob	w	45	Lunge	1	ja	ub	ub	tot
OS12	met	ub	m	67	Lunge	2	nein	entfällt	ub	tot
OS14	k	ob	m	56	Schulter	3	ja	ja	ub	tot
OS15	k	ob, cb	w	74	Femur	2	nein	entfällt	ub	tot
OS16	met	ob	w	37	Lunge	2	ja	nein	IV	tot
OS17	k	ob, cb, fb	m	54	Tibia	3	ja	nein	V	tot
OS18	k	ob	m	7	Femur	2	nein	entfällt	ub	lebt
OS20	k	ub	m	33	Femur	3	nein	entfällt	ub	lebt
OS21	k	ob, cb	m	59	Femur	2	nein	entfällt	ub	tot
OS23 ⁺	k	cb	w	46	Becken	3	ja	nein	V	ub
OS24	k	cb	m	17	Femur	3	neoadjuvant	entfällt	V	lebt
OS25 ⁺	k	cb	w	26	Kiefer	ub	adjuvant	entfällt	ub	lebt

Gewebe erhalten von: 1.) Universitätsklinikum Charité, Berlin-Buch, Deutschland, Robert-Rössle-Klinik, Klinik für Chirurgie und Chirurgische Onkologie, Prof. Peter M. Schlag, Dr. Per-Ulf Tunn, Dr. Ulrike Schneider. 2.) Universitätsklinikum Charité, Campus Mitte, Berlin, Deutschland, Institut für Pathologie, Prof. Dr. Manfred Dietel, Dr. Aurelia Noske. 3.) Universitätsklinikum Charité, Campus Virchow, Berlin, Deutschland, Klinik für Unfall- und Wiederherstellungschirurgie, PD Dr. Klaus-Dieter Schaser, Dr. Ingo Melcher. *: Regressionsgrad. +: Osteosarkome befinden sich auf skelettalen Tumor *Tissue Microarray*. cb: chondroblastisches Osteosarkom. Chemo.: Chemotherapie. fb: fibroblastisches Osteosarkom. G: Geschlecht. k: konventionelles Osteosarkom. m: männlich. met: metastatisches Osteosarkom der Lunge. Nr.: Nummer. ob: osteoblastisches Osteosarkom. ub: unbekannt. w: weiblich.

Tabelle 5: Patientendaten der Chondrosarkom-Gewebe

Nr.	Typ	Geschlecht	Alter	Lokalisation	Grad
CS1	PT	m	50	Schulter	3
CS2	PT	m	52	Schulter	3
CS3	PT	m	50	Schulter	2
CS4	PT	w	45	Becken	2
CS5	PT	m	24	Kiefer	2
CS6	PT	m	56	Becken	2
CS7	PT	m	69	Fuß	2
CS8	PT	m	42	Becken	1

Gewebe erhalten von: 1.) Universitätsklinikum Charité, Campus Mitte, Berlin, Deutschland, Institut für Pathologie, Prof. Dr. Manfred Dietel, Dr. Aurelia Noske. 2.) Universitätsklinikum Charité, Campus Virchow, Berlin, Deutschland, Klinik für Unfall- und Wiederherstellungschirurgie, PD Dr. Klaus-Dieter Schaser, Dr. Ingo Melcher. m: männlich. PT: Primärtumor. w: weiblich.

Tabelle 6: Patientendaten der Riesenzelltumor-Gewebe

Nr.	Typ	Geschlecht	Alter	Lokalisation
RT1	PT	m	46	Femur
RT2	RT	m	48	Tibia
RT3	PT	w	22	Femur
RT4	PT	m	57	Becken
RT5	PT	w	24	Radius
RT6	PT	m	67	Becken
RT7	PT	w	63	Knie
RT8C	RT	w	45	Radius
RT8E	RT	w	47	Radius
RT9	PT	w	48	Tibia
RT10	PT	m	23	Femur
RT11	PT	w	47	Hand
RT12	RT	w	46	Radius
RT13	PT	m	41	Radius
RT14A	PT	w	37	Radius
RT14B	PT	w	36	Radius
RT15	PT	m	59	Trochlea
RT16A	PT	w	32	Humerus
RT16B	PT	w	32	Humerus
RT17	PT	w	62	Femur
RT18	PT	w	28	Femur

Nr.	Typ	Geschlecht	Alter	Lokalisation
RT19	PT	w	37	Knochenzyste
RT20	PT	m	17	Kiefer
RT21A	RT	m	39	Tibia
RT21B	RT	m	41	Tibia
RT22	PT	m	16	Knochendeckel, Zysteninhalt
RT23	RT	w	50	Femur
RT24	RT	m	26	Lunge
RT25	PT	m	32	Schulter
RT26A	PT	m	27	Femur
RT26B	PT	m	27	Femur
RT27	PT	w	56	Fuß
RT28A	RT	m	27	Humerus
RT28B	RT	m	27	Humerus
RT29	RT	m	41	Tibia
RT30	RT	w	32	Hand
RT33	PT	m	18	Wirbelkörper
RT34	PT	m	18	Wirbelkörper

Gewebe erhalten von: 1.) Universitätsklinikum Charité, Berlin-Buch, Deutschland, Robert-Rössle-Klinik, Klinik für Chirurgie und Chirurgische Onkologie, Dr. Ulrike Schneider. 2.) Universitätsklinikum Charité, Campus Mitte, Berlin, Deutschland, Institut für Pathologie, Prof. Dr. Manfred Dietel, Dr. Aurelia Noske. 3.) Universitätsklinikum Charité, Campus Virchow, Berlin, Deutschland, Klinik für Unfall- und Wiederherstellungschirurgie, PD Dr. Klaus-Dieter Schaser, Dr. Ingo Melcher. 4.) Universitätsklinikum Köln, Deutschland, Institut für Pathologie, PD Dr. Hans-Udo Kasper. m: männlich. PT: Primärtumor. RT: Rezidivtumor. w: weiblich.

Tabelle 7: Patientendaten des Knochen *Tissue Microarray*.

	Gewebe	Lokalisation	Geschlecht	Alter
1a	fötal	Radius, Ulna	-	18.SSW
1b	fötal	Radius, Ulna	-	18.SSW
1c	fötal	Radius, Ulna	-	18.SSW
1d	fötal	Radius, Ulna	-	18.SSW
2a	fötal	Femur	-	21.SSW
2b	fötal	Femur	-	21.SSW
3a	fötal	Radius, Ulna	-	21.SSW
3b	fötal	Radius, Ulna	-	21.SSW
4a	adult	Hüfte	w	63
4b	adult	Hüfte	w	63
4c	adult	Pallus, Calcaneus	w	65
4d	adult	Pallus, Calcaneus	w	65
5a	adult	Hüfte	w	92
5b	adult	Hüfte	w	92
5c	adult	Hüfte	w	62
5d	adult	Hüfte	w	62
6a	adult	Hüfte	m	37
6b	adult	Hüfte	m	37
6c	adult	Hüfte	w	90
6d	adult	Hüfte	w	90

Firma: Provitro GmbH, Berlin, Deutschland. Katalognummer: 401 1211. Lot-Nummer: 069P. m: männlich. SSW: Schwangerschaftswoche. w: weiblich.

Tabelle 8: Patientendaten des Knorpel *Tissue Microarray*

	Gewebe	Lokalisation	Geschlecht	Alter
1a	adult	Hüfte	m	73
1b	adult	Hüfte	m	73
1c	adult	Hüfte	m	79
1d	adult	Hüfte	m	79
2a	adult	Hüfte	w	80
2b	adult	Hüfte	w	80
2c	adult	Hüfte	w	50
3a	adult	Hüfte	w	50
3b	adult	Knie	m	76
3c	adult	Knie	m	76
4a	adult	Knie	m	56
4b	adult	Knie	m	56
4c	adult	Knie	w	66
5a	adult	Knie	w	66
5b	adult	Knie	m	63
5c	adult	Knie	m	63
6a	adult	Knie	m	76
6b	adult	Knie	m	76
6c	adult	Knie	w	73
7a	adult	Knie	w	73
7b	fötal	Humerus	-	30.SSW
7c	fötal	Humerus	-	30.SSW
8a	fötal	Femur	-	30.SSW
8b	fötal	Femur	-	30.SSW
8c	fötal	Femur	-	23.SSW
9a	fötal	Femur	-	23.SSW
9b	fötal	Femur, Tibia	-	27.SSW
9c	fötal	Femur, Tibia	-	27.SSW
9d	fötal	Femur	-	27.SSW
9e	fötal	Femur	-	27.SSW
10a	fötal	Femur	-	13.SSW
10b	fötal	Humerus	-	13.SSW
10c	embryonal	Hüfte	-	12.SSW
10d	embryonal	Hüfte	-	12.SSW
10e	embryonal	Hüfte	-	9.SSW
11a	embryonal	Hüfte	-	9.SSW
11b	embryonal	Hüfte	-	10.SSW
11c	embryonal	Hüfte	-	10.SSW
11d	embryonal	Hüfte	-	8.SSW
11e	embryonal	Hüfte	-	8.SSW

Firma: Provitro GmbH, Berlin, Deutschland. Katalognummer: 401 1223. Lot-Nummer: 022P. m: männlich. SSW: Schwangerschaftswoche. w: weiblich.

Tabelle 9: Patientendaten des skelettalen Tumor *Tissue Microarray*.

	Gewebe	Lokalisation	Geschlecht	Alter
1a	Fibrosarkom	Haut	m	50
1b	Fibrosarkom	Haut	m	50
1c	Fibrosarkom	Haut	m	58
1d	Fibrosarkom	Haut	m	58
1e	Fibrosarkom	Haut	m	37
1f	Fibrosarkom	Haut	m	37
2a	Osteosarkom	Becken	w	46
2b	Osteosarkom	Becken	w	46
2c	Osteosarkom	Kiefer	w	26
2d	Osteosarkom	Kiefer	w	26
2e	Chondrosarkom	Schulter	m	52
2f	Chondrosarkom	Schulter	m	52
3a	Chondrosarkom	Kiefer	m	24
3b	Chondrosarkom	Kiefer	m	24
3c	Chondrosarkom	Becken	m	42
3d	Chondrosarkom	Becken	m	42
3e	solitäre Knochenzyste	Tibia	w	12
3f	solitäre Knochenzyste	Tibia	w	12
4a	aneurysmatische Knochenzyste	Tibia	m	31
4b	aneurysmatische Knochenzyste	Tibia	m	31
4c	aneurysmatische Knochenzyste	Tibia	m	31
4d	aneurysmatische Knochenzyste	Tibia	m	31
4e	aneurysmatische Knochenzyste	Becken	w	11
4f	aneurysmatische Knochenzyste	Schulter	w	37
5a	fibröse Dysplasie	Kiefer	m	60
5b	fibröse Dysplasie	Kiefer	m	60
5c	Enchondrom	Humerus	w	48
5d	Enchondrom	Humerus	w	48
6a	periostales Chondrom	Os metacarpale I	w	64
6b	periostales Chondrom	Os metacarpale I	w	64
6c	periostales Chondrom	Os metacarpale I	w	80
6d	periostales Chondrom	Os metacarpale I	w	80
6e	periostales Chondrom	Femur	w	53
6f	periostales Chondrom	Femur	w	53
7a	periostales Chondrom	Os metacarpale I	w	80
7b	periostales Chondrom	Os metacarpale I	w	80
7c	Osteom	Os ethmoidale	m	72
7d	Osteom	Os ethmoidale	m	75
7e	Osteom	Kiefer	w	12

	Gewebe	Lokalisation	Geschlecht	Alter
7f	Osteom	Kiefer	w	12
8a	Osteom	Os ethmoidale	w	17
8b	Osteom	Os ethmoidale	w	17
8c	Osteom	Kiefer	m	39
8d	Osteom	Kiefer	m	39
8e	Osteom	Anconoid	m	51
8f	Osteom	Anconoid	m	51
9a	Osteochondrom	Os metacarpale V	m	28
9b	Osteochondrom	Os metacarpale V	m	28
9c	Osteochondrom	Tibia	w	21
9d	Osteochondrom	Tibia	w	21
10a	Osteochondrom	Schulter	w	21
10b	Osteochondrom	Schulter	w	21
10c	Osteochondrom	Fibula	w	16
10d	Osteochondrom	Fibula	w	16

Firma: Provitro GmbH, Berlin, Deutschland. Katalognummer: 413 2212. Lot-Nummer: 070P. m: männlich. w: weiblich.

Tabelle 10: Osteosarkom-Microarray.

Nummer	Typ
HOBc	Osteoblasten-Primärkultur
OS1	Osteosarkom (konventionell)
OS9	Osteosarkom (konventionell)
OS15	Osteosarkom (konventionell)
OS18	Osteosarkom (konventionell)
OS24	Osteosarkom (konventionell)
OS4	Osteosarkom (Lungenmetastase)
OS6	Osteosarkom (Lungenmetastase)
OS12	Osteosarkom (Lungenmetastase)
OS16	Osteosarkom (Lungenmetastase)

Tabelle 11: Riesenzelltumor-Microarray.

Nummer	Typ
AB47	Periprothetische Membran (abriebinduziert)
AB254	Periprothetische Membran (abriebinduziert)
RZT1	Primärtumor
RZT2	Rezidivtumor
RZT3	Primärtumor
RZT4	Primärtumor
RZT5	Primärtumor
RZT6	Primärtumor
RZT12	Rezidivtumor
RZT13	Primärtumor

Weitere Gewebe:

Milz, Tonsille, abriebinduzierte periprothetische Membranen (AB47, AB254)

Universitätsklinikum Charitè, Berlin, Deutschland, Institut für Pathologie

Tabelle 12: Zelllinien.

Zelllinie	Typ	Medium	Firma
AG	Chondrosarkom	DMEM/F12	Dr. Aigner*
AD	Chondrosarkom	DMEM/F12	Dr. Aigner*
CZPK	Chondrozyten	RPMI1640	Provitro GmbH, Berlin, Deutschland
HOBC	Osteoblasten	OBGM	PromoCell, Deutschland Provitro GmbH, Berlin, Deutschland
HOS	Osteosarkom	RPMI1640	Prof. Gaedicke**
HT29	Colonkarzinom	RPMI1640	ATCC
Hut78	Lymphom	RPMI1640	ATCC
RZTPK	Riesenzelltumor	L15	isoliert aus nativen Riesenzelltumor***
MG63	Osteosarkom	RPMI1640	Prof. Gaedicke**
MNNG/HOS	Osteosarkom	RPMI1640	Prof. Gaedicke**
OST	Osteosarkom	RPMI1640	Prof. Gaedicke**
SaOS2	Osteosarkom	McCoys5A	ATCC
SJSA	Osteosarkom	RPMI1640	Prof. Gaedicke**
ZK58	Osteosarkom	RPMI1640	Prof. Gaedicke**

*: Dr. Thomas Aigner, Institut für Pathologie, Friedrich-Alexander Universität Erlangen, Deutschland.

** : Prof. Gerhard Gaedicke, Anne Strandsby, Klinik für Pädiatrie und experimentelle Onkologie, Universitätsklinikum Campus Virchow, Berlin, Deutschland. ***: stammt aus Charitè Campus Virchow. ATCC: *American Type Culture Collection*, United Kingdom. CZPK: Chondrozyten-Primärkultur. DSMZ: Deutsche Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen GmbH, Braunschweig, Deutschland. RZTPK: Riesenzelltumor-Primärkultur.

Tabelle 13: Primärantikörper.

Name	Firma	Nr.	Verwendung	SAK	Verdünnung	Ansatz in
Aktin	Chemicon	MAB1501R	WB	Maus	1:5000*	TBST
Akt	NEB	9272	WB	Kaninchen	1:1000	5%MP/TBST
AMFR	Abgent	AP2162b	IHC	Kaninchen	1:20	Diluent
CD51/61:PE	BD	550037	DZ	Maus	1:100	PBS
CD52	Serotec	MCA1642	IHC	Ratte	1:20 1:40	Diluent
CD52:FITC	Serotec	MCA1642F	DZ	Ratte	1:10	PBS
Claudin7	Zymed	34-9100	IHC	Kaninchen	1:10	Diluent
EphrinA1	Santa Cruz	SC911	WB IF DZ	Kaninchen	1:200 1:50 1:50	5%MP/TBST PBS 2%FCS/PBS
EphrinA1	Zymed	18-2301	IHC	Kaninchen	1:10	Diluent
EphrinA2	Zymed	90-100	IHC	Kaninchen	1:10	Diluent
EphrinB1	Zymed	34-3500	IHC	Kaninchen	1:10	Diluent
EphrinB3	Zymed	90-100	IHC	Kaninchen	1:10	Diluent
EphA1	Abgent	AP7606b	IHC	Kaninchen	1:20	Diluent
EphA2	Upstate	05-480	IHC IF DZ WB	Maus	1:10 1:10 1:10 1:500	Diluent PBS 2%FCS/PBS 5%MP/TBST
Erk	BD	610030/31	WB	Maus	1:5000*	TBST
FGFR3	Abgent	AP7638a	IHC	Kaninchen	1:20	Diluent
Ki67	Zymed	18-0191	IHC	Kaninchen	1:50	Diluent
PARP	BD	556362	WB	Maus	1:500	5%MP/TBST
P-Akt ^(Ser473)	NEB	9271	WB	Kaninchen	1:1000	5%MP/TBST
P-cFos ^(T325)	Biozol	ab27793	WB	Kaninchen	1:1000	5%MP/TBST
P-cJun ^(Ser63)	NEB	9261	WB	Kaninchen	1:500	5%MP/TBST
P-Elk1 ^(Ser383)	NEB	9186	WB	Maus	1:5000	5%MP/TBST
P-Erk p42/44 (Thy202/Tyr204)	NEB	9101	WB	Kaninchen	1:1000	5%MP/TBST
P-Erk1:PE (T202/Y204)	BD	612566	DZ	Kaninchen	20µl	2%FCS/PBS
P-FAK (Tyr397)	Biosource	44-625G	IF WB	Kaninchen	1: 50 1:1000	PBS 5%MP/TBST
P-MEK1/2 (Ser217/221)	NEB	9121	WB	Kaninchen	1:1000	5%MP/TBST
pTyr ^(PY)	Santa Cruz	SC7020	WB	Maus	1:1000	5%MP/TBST

Sofern nicht anders angegeben wurden die Antikörper für Western blot ü. N. bei 4°C inkubiert. *: 1h Raumtemperatur. BD: BD Bioscience. DZ: Durchflusszytometrie. FCS: fötales Kälberserum. FITC: Fluoreszeinisothiocyanat. IHC: Immunhistochemie. IF: Immunfluoreszenz. MP: Milchkpulver. NEB: New England Biolabs. Nr.: Bestellnummer. PBS: Phosphate-buffered Saline. PE: Phycoerythrin. SAK: Sekundärantikörper. TBST: Tris-buffered Saline/Tween-20. WB: Western blot.

Tabelle 14: Sekundärantikörper.

Name	Firma	Nr.	Verwendung	Verdünnung	Ansatz in
Alexa488 Maus	Invitrogen	A-11017	DZ IF	1:300 1:300	2%FCS/PBS PBS
Alexa488 Kaninchen	Invitrogen	A-11094	DZ	1:300	2%FCS/PBS
Alexa594 Kaninchen	Invitrogen	A-11072	IF	1:200	3%HS/PBS
APAAP Komplex Ratte	DAKO	D0488	IHC	1:100	Diluent/B
DAPI**	Roche	236276	IF	1:5000	PBS
Kaninchen anti Ratte	DAKO	Z0455	IHC	1:40	Diluent/B
Maus IgG ₁ :FITC	BD	03004C	DZ	1:50	PBS
Ziege anti Kaninchen-HRP	NEB	7074	WB	1:2000	5%MP/TBST
Ziege anti Maus-HRP	Dianova	325-035-045	WB	1:5000	5%MP/TBST*

Sofern nicht anders angegeben wurden die Antikörper für Western blot 1h bei Raumtemperatur inkubiert. *: Aktin und Erk in TBST ansetzen. **: 4',6-Diamin2'-Phenylindol-Dihydrochlorid. BD: BD Bioscience. Diluent/B: Diluent mit Hintergrund-reduzierenden Substanzen. DZ: Durchflusszytometrie. FCS: fötales Kälberserum. FITC: Fluoreszeinisothiocyanat. HRP: Horseradish Peroxidase. IHC: Immunhistochemie. IF: Immunfluoreszenz. MP: Milchkpulver. NEB: New England Biolabs. Nr.: Bestellnummer. PBS: Phosphatebuffered Saline. PE: Phycoerythrin. TBST: Tris-buffered Saline/Tween-20. WB: Western blot.

Tabelle 15: Primer.

Primer	Sequenz	Temperatur [°C]	Zykluszahl
Aktin *	F: 5'-CCTTGTCACACGAGCCAGTG-3' R: 5'-TGCCTGTTTCCGTAGGACTC-3'	Temperatur/Zyklus entsprach dem mitlaufenden Gen	
CD52	F: 5'-GCCACGAAGATCCTACCAAA-3' R: 5'-GCTTGGCCCCTACATCATTA-3'	52	40
EFNA1	F: 5'-CAAGTTCCGGAATGAGGACTAC-3' R: 5'-CTCTTCAGCCTGTCCCTCTTTA-3'	57	35
EFNA2	F: 5'-GCACTACGTGCTGTACATGGTC-3' R: 5'-GCTGCTACACGAGTTATTGCTG-3'	49	38
EFNB1	F: 5'-GCAGGAAATACGCTTTACCATC-3' R: 5'-AGTCCCCACTCACCTTCTCATA-3'	55	35
EFNB3	F: 5'-CTGCCTCTCACTGGTTTTCTCT-3' R: 5'-TAAGAAGCCAAGAGGGTGAAAG-3'	54	40
EphA2	F: 5'-CCTCACACTAAGAGGGCAGACT-3' R: 5'-TGCAACTTTATTCCAGAGCAGA-3'	52	28
GAPDH**	F: 5'-CCATGGCACCGTCAAGGCTG-3' R: 5'-GCCATGTGGGCCATGAGGTC-3'	Temperatur/Zyklus entsprach dem mitlaufenden Gen	

Primer MWG-Biotech Heidelberg, * TIB MOLBIOL Syntheselabor GmbH Berlin, **Bio TeZ Berlin-Buch GmbH. F: Forward. R: Reverse.

Tabelle 16: Geräte und Materialien.

Gerät/Material	Firma
10cm Petrischalen	BD Falcon
0,5ml, 1,5ml und 2ml Eppendorf-Tubes	Eppendorf
15ml, 50ml Falcon-Tubes	BD Falcon
4-Well-Platten Quadriperm	Vivascience
6-Well-Platten	BD Falcon
96-Well-Platten	BD Falcon
96-Rundwell-Platten	BD Falcon
Blotgerät	PreQLab
Brutschrank Zellkultur	Hera
Deckgläser	Menzel-Gläser
Elektrophoresekammer + Zubehör	Biorad
ELISA-Reader	Biorad
FACS-Gerät	BD FACS Calibus
Färbekammer	Shandon
Filme (Röntgenfilme)	Amersham Hyperfilm
Fluoreszenzmikroskop	Zeis Axiophot
Hamilton-Pipette	Hamilton
Heizblock (Thermomixer)	Eppendorf
Kammersystem (für Immunfluoreszenz)	Shandon
Kryobox	Nalgene
Kryoröhrchen	Cellstar
Kulturflaschen für Zellkultur	BD Falcon
Küvette (für RNS-Messung)	Hellma
Magnetrührer	IKAMAG
Mikroskop (Zelle)	Leica DMIL
Mikroskop (für Immunhistochemie)	Olympus; Leica DMRBE
Mikrotom	Leica RM2035
Mikrowelle	Samsung
Nitrozellulosemembranen Protran N	Schleicher & Schüll
Objektträger	R. Langenbrinck
PCR-Cycler	Eppendorf
Photometer	Pharmacia Biotech
Schüttler	Stuart Scientific
Shredder Säulen	Qiagen
Spannungsgerät	Biorad
UV-Gerät inkl. Kamera	Biostep
Vortex	Assistant
Wärmeschränk	Heraeus
Waage	Sartorius
Wasserbad	GFL 1092
Zellschaber	TPP
Zentrifuge	Beckman Coulter

Tabelle 17: Kits.

Name	Firma	Verwendung
Cell Proliferation Kit	Roche	MTT-Assay
DAB (3,3'-Diaminobenzidin)	DAKO	IHC
ECL (Enhanced Chemoluminescence Analysis Kit)	Amersham	WB
Fuchsin ⁺	DAKO	IHC
Histostain-DS Kit LAB-SA System	Zymed	IHC
LSAB ⁺ System, Alkalische Phosphatase (AP)	DAKO	IHC
LSAB 2-System, Peroxidase (HRP)	DAKO	IHC
One Step RT-PCR Kit	Qiagen	RT-PCR
Qiagen Plasmid Kit	Qiagen	Maxipräparation
RNase-free DNase Set	Qiagen	DNase-Verdau
RNeasy Mini-Kit (50)	Qiagen	RNS-Isolierung
TA Cloning Kit	Invitrogen	Transformation
Trypsin	Zymed	IHC
Western blot Recycling Kit	Alpha Diagnostic	WB

IHC: Immunhistochemie. WB: Western blot.

Tabelle 18: Chemikalien.

Chemikalie	Firma
1kb-Leiter (für RNS-Agarosegele)	Eurogentec
Acrylamid	Roth
Agarose	Serva
Amidoschwarz	Merck
Ampizilin	Fluka
APS (Ammoniumpersulfat)	Merck
Aquatex	Merck
Bacto Agar	DIFCO
Bacto Tryptone	BD
Bacto Yeast Extract	BD
Bromphenolblau	Sigma
BSA (<i>Bovine Serum Albumine</i>)	Serva
CAMPATH-1H	Bayer-Schering, Berlin; Prof. G. Gaedicke*
Chloralhydrat	Merck
Chloroform	Sigma Aldrich
Complete, Mini	Roche
Coomassie Brilliantblau R250	Sigma
DABCO (1,4 Diazobicyclooctan)	Sigma
DEPC (Diethylprocarbonat)	Sigma
DDT (Dithiotreitol)	Sigma
Desinfektionsmittel Meliseptol (für RNS-Isolierung)	Braun
Diluent (gebrauchsfertig)	DAKO
Diluent mit hintergrundreduzierenden Eigenschaften	DAKO

Chemikalie	Firma
DMSO (Dimethylsulfoxid)	Sigma
EDTA (Titrplex)	Merck
EFNA1/F _c	R&D
Eisessig	Merck
Entwickler	Kodack
Eosin	Chroma
Ethanol	Herbeta-Arzneimittel
Ethidiumbromid	Sigma
Fixierer	Kodack
Formaldehyd (37%)	J.T. Baker
FCS (Fötales Kälberserum)	Biochrom
FuGene6	Roche
Glycerol (Glycin)	Merck, Sigma
Hämatoxylin	Chroma
Hydrocortison	Sigma
ITS (Insulin-Transferrin-Selen)	Sigma
Isopropanol	Herbeta-Arzneimittel
Kalialaun (Aluminiumkalisulfat)	Merck
KCl (Kaliumchlorid)	Merck
KH ₂ PO ₄ (Kaliumdihydrogenphosphat)	Merck
Marker (für SDS-PAGE)	Biolabs (P7708S)
Marker X (für RNS-Agarosegele)	Roche
Methanol	J.T. Baker
Milchpulver	Applichem
MOPS (3-Morpholinpropansulfonsäure)	Merck
NaCl (Natriumchlorid)	Merck
NaOH (Natriumhydroxid)	Merck
Na ₂ HPO ₄ (Di-Natriumhydrogenphosphat-Dihydrat)	Merck
Natrium-Acetat	Merck
Natriumdesoxycholat (DOC)	Sigma
Natriumjodat	Merck
Natriumzitat	Merck
10% Nonidet NP40	Calbiochem
RNase-free Spray	Pretech Instruments, CLP, Mercury Reagents
Paraformaldehyd	Merck
Penicillin/Streptomycin	Biochrom
Peroxidase (gebrauchsfertig)	DAKO
Pferdeserum	Sigma
Plasmaröhrchen + Zubehör	vom Institut für Neuroimmunologie CCM zur Verfügung gestellt
PolyHema (Poly-2-Hydroxyethylmethacrylat)	Sigma
Proteinase K	DAKO
Saponin	Sigma
SDS (Natriumdodecylsulfat)	Serva
SOC-Medium	Invitrogen
TEMED (N,N,N',N'-Tetramethylethylendiamin)	Sigma

Chemikalie	Firma
TOP10F kompetente Zellen	Invitrogen
Tireagent	Invitrogen
Tris Base	Merck
Tris HCl	Merck
TritonX	Sigma
Trypsin (für Zellkultur)	Biochrom AG
Tween20	Serva
U0126	Promega
Vitro-Clud (Eindeckmedium für HE-Schnitte)	R. Langenbrinck
Zitronensäure	Merck

* Prof. Gerhard Gaedicke, Anne Strandsby, Klinik für Pädiatrie und experimentelle Onkologie, Universitätsklinikum Campus Virchow, Berlin, Deutschland.

Expressionsplasmid für EphA2: pReceiver-M02

Firma: GeneCopoeia

Nummer: EX-A0125-M02

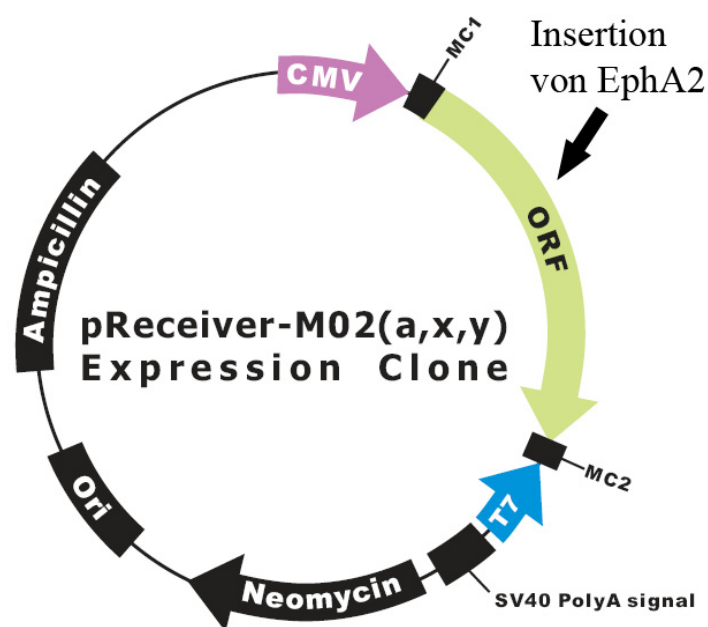


Abbildung 5: Expressionsplasmid für EphA2

Leervektor: pcDNA3

Firma: Invitrogen

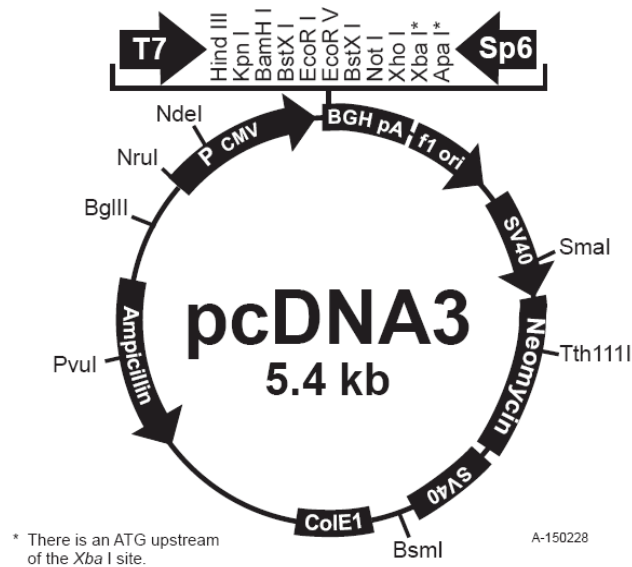


Abbildung 6: Leervektor pcDNA3

3.1.1 Software

Bildanalyse und -bearbeitung:

Adobe Photoshop CS Version 8.0.1
(Adobe)

Argus 4.1.0 (Biostep)

DC Viewer (Leica)

Leica IM50 Image Manager (Leica)

Nu200 2.0 (Photometrics)

Durchflusszytometrie:

CellQuest Pro 5.2 (BD)

WinMDI 2.8 (Microsoft)

ELISA-Reader:

Microplate Manager 5.2.1 (Biorad)

Statistische Auswertung:

SPSS 13.0 (SPSS Incorporation)

3.1.2 Stammlösungen

<u>Agar:</u>	Ansatz	1l
	Bacto Agar	15g
	Bacto Tryptone	10g
	Bacto Yeast Extract	5g
	NaCl	10g
	pH 7,0	
	Auf 1l mit bi-destilliertem Wasser auffüllen	
<u>Amidoschwarz:</u>	Ansatz	400ml
	Amidoschwarz	0,4g
	Methanol	90ml
	Eisessig	20ml
	bi-destilliertes Wasser	290ml
<u>10% APS:</u>	1g APS in 10ml bi-destilliertem Wasser lösen	
<u>2,5x Blotpuffer:</u>	Ansatz	1l
	Tris-Base	14,5g
	Glycerol	7,3g
	10% SDS	9,37ml
	Methanol	500ml
	Auf 1l mit bi-destilliertem Wasser auffüllen	
<u>Complete:</u>	1 Tablette in 1,5ml bi-destilliertem Wasser lösen	
	150µl Complete pro 1ml RIPA-Puffer	

<u>Coomassie-Färbelösung:</u>	Ansatz	500ml
	Coomassie	0,25g
	Methanol	250ml
	Eisessig	50ml
	bi-destilliertes Wasser	200ml
<u>DAB:</u>	Ansatz	1ml
	DAB-Puffer	1ml
	DAB-Substrat	1Tropfen
<u>DABCO:</u>	Ansatz	20ml
	DABCO	460mg
	Glycerol	18ml
	0,2M Tris pH 8,0	2ml
<u>Destain:</u>	Ansatz	1l
	Methanol	400ml
	Eisessig	100ml
	bi-destilliertes Wasser	500ml
<u>0,1% DEPC:</u>	Ansatz	100ml
	900µl DEPC in bi-destilliertes Wasser geben Deckel	
	nur anschrauben und über Nacht stehen lassen,	
	autoklavieren und Deckel fest verschrauben	

<u>0,5M EDTA:</u>	Ansatz	1l
	EDTA	186,1g
	bi-destilliertes Wasser	800ml
	NaOH-Plättchen	20g
	pH 8 einstellen	
	Auf 1l mit bi-destilliertem Wasser auffüllen	
<u>5x Elektrophoresepuffer:</u>	Ansatz	1l
	Tris-Base	15,1g
	Glycin	72,0g
	SDS	5,0g
	Auf 1l mit bi-destilliertem Wasser auffüllen, pH 8,3	
<u>Elution:</u>	Ansatz	500ml
	Ethanol	250ml
	EDTA (0,5M)	50µl
	NaOH (0,5M)	25ml
	bi-destilliertes Wasser	225ml
<u>Entwickler:</u>	Ansatz	1l
	destilliertes Wasser	700ml
	Lösung A	250ml
	Lösung B	25ml
	Lösung C	25ml

<u>Eosin:</u>	Ansatz	2l
	Eosin	25g
	destilliertes Wasser	600ml
	Ethanol	1400ml
	Pro 300ml-Küvette Zugabe von 3-5ml Eisessig	
<u>70% Ethanol/DEPC:</u>	Ansatz	1l
	Ethanol 100%	700ml
	DEPC 0,1%	300ml
<u>Fixierer:</u>	Ansatz	1l
	destilliertes Wasser	700ml
	Lösung A	250ml
	Lösung B	50ml
<u>Fuchsin⁺:</u>	Ansatz	2ml
	Chromogen	120µl
	Aktivierungslösung	120µl
	1 min mischen	
	Puffer	1760µl
	(Levamisol	2 Tr.)

<u>Hämatoxylin:</u>	Ansatz	4l
	8g Hämatoxylin in 4l destilliertem Wasser lösen	
	Natriumjodat	1g
	Kalialaun	250g
	Chloralhydrat	250g
	Zitronensäure	5g
	Über Nacht rühren lassen	

<u>Ladepuffer (RNS):</u>	Ansatz	1ml
	DEPC-Wasser	0,35ml
	10x MOPS	0,21ml
	37% Formaldehyd	0,35ml
	Glycerol	0,104ml
	Ethidiumbromid	2µl
	Bromphenolblau	Krümel

<u>LB-Medium:</u>	Ansatz	1l
	Bacto Agar	15g
	Bacto Tryptone	10g
	Bacto Yeast Extract	5g
	NaCl	10g
	pH 7,0	
	Auf 1l mit bi-destilliertem Wasser auffüllen	

<u>10x MOPS:</u>	Ansatz	2l
	MOPS	83,6g
	Natrium-Acetat	16,4g
	0,5M EDTA	40ml
	Auf 2l mit bi-destilliertem Wasser auffüllen	
<u>3M Natrium-Acetat:</u>	Ansatz	1l
	408,1g Natrium-Acetat in 800ml bi-destilliertem Wasser lösen	
	pH 5,5 mit Essigsäure einstellen	
	Auf 1l mit bi-destilliertem Wasser auffüllen	
<u>Natriumzitat:</u>	Ansatz	1l
	29,41g in 1l destilliertem Wasser lösen	
<u>Paraformaldehyd:</u>	Ansatz	50ml
	bi-destilliertes Wasser (50°C)	40ml
	Paraformaldehyd	Xg
	1N NaOH	~ 4 Tr.
	10x PBS	5ml
	bi-destilliertes Wasser	5ml
<u>10x PBS:</u>	Ansatz	1l
	NaCl	80g
	KCl	2g
	Na ₂ HPO ₄	14,4g
	KH ₂ PO ₄	2,4g
	Auf 1l mit bi-destilliertem Wasser auffüllen, pH 7,4	

<u>0,05% PBST:</u>	Ansatz	1l
	10x PBS	100ml
	bi-destilliertes Wasser	900ml
	Tween 20	500µl
<u>2x Probenpuffer:</u>	Ansatz	10ml
	0,5M Tris Base pH 6,8	2ml
	DDT	0,308g
	10% SDS	4ml
	Glycerol	2ml
	Bromphenolblau	0,1g
	Auf 10ml mit bi-destilliertem Wasser auffüllen	
<u>RIPA-Puffer:</u>	Ansatz	50ml
	150mM NaCl	0,44g
	10% Nonidet NP40	5ml
	Natriumdesoxycholat (DOC)	0,25g
	10% SDS	0,5ml
	1M Tris-Base pH 8,0	2,47ml
	Auf 50ml mit bi-destilliertem Wasser auffüllen	
<u>SDS-Lysepuffer:</u>	Ansatz	50ml
	10% SDS	5ml
	1M Tris HCl pH 7,5	0,5ml
	0,5M EDTA pH 8,0	0,2ml
	Auf 50ml mit bi-destilliertem Wasser auffüllen	

<u>50x TAE:</u>	Ansatz	1l
	Tris Base	242g
	EDTA	18,6g
	Auf 1l mit bi-destilliertem Wasser auffüllen, pH 8,0	
<u>5x TBS:</u>	Ansatz	1l
	1M Tris-Base pH 8,0	50ml
	5M NaCl	150ml
	bi-destilliertes Wasser	800ml
<u>0,05% TBST:</u>	Ansatz	1l
	TBS	1l
	Tween20	500µl
<u>1,5M Tris (Trenngelpuffer):</u>	Ansatz	500ml
	118,7g Tris Base in bi-destilliertem Wasser lösen, pH 8,7	
<u>0,5M Tris (Sammelgelpuffer):</u>	Ansatz	500ml
	78,7g Tris HCl in bi-destilliertem Wasser lösen, pH 6,8	
<u>0,05% Trypsin:</u>	Angaben gelten pro Schnitt	
	Diluent	120µl
	Konzentrat	40µl

<u>Zitratpuffer:</u>	Ansatz	je 1,5l
	Zitronensäure	27ml
	Natriumzitat	123ml
	destilliertes Wasser	1350ml
<u>Zitronensäure:</u>	Ansatz	1l
	21,01g in 1l destilliertem Wasser lösen	

3.2 Methoden

3.2.1 Immunhistochemische Färbung

3.2.1.1 Schneiden der Paraffinblöcke

Die Blöcke wurden zu Beginn der Arbeit auf Eis gelegt, damit das Paraffin sowie das Gewebe durchfrieren konnten. Anschließend erfolgte das Schneiden (1-3µm) der Blöcke mit einem Mikrotom und das Aufziehen auf Objektträger. Diese wurden zuerst in kaltes und anschließend in warmes Wasser getaucht und auf dem Objektträger getrocknet.

3.2.1.2 Hämatoxylin-Eosin-Färbung

Zum Schmelzen des Paraffins mussten die Schnitte für 10-15min im Wärmeschränk bei 70°C inkubieren. Nachfolgend legte man die Objektträger für 5min ins Xylol. Danach passierten sie für je 10sek eine Alkoholreihe (Xylol, 2x 100% Ethanol, 2x 96% Ethanol, 2x 70% Ethanol) mit abschließender Lagerung im Wasser. Es folgten 5min Inkubation im Hämatoxylin, abspülen mit warmen Wasser, 5min Bläuen im warmen Wasser, 5min Eosinfärbung und nochmals spülen im Wasser. Anschließend mussten

die Schnitte zum Entwässern erneut für jeweils 10sek die aufsteigende Alkoholreihe passieren, wurden im Xylol gelagert und mit Vitro-Clud eingedeckt.

3.2.1.3 LSAB-AP-, LSAB-HRP- und doppelte APAAP-Methode

Bei der LSAB-AP (Labeled Streptavidin Biotin + Alkaline Phosphatase)-, der LSAB-HRP (Labeled Streptavidin Biotin + Horseradish Peroxidase)- und der doppelten APAAP (Alkaline Phosphatase Anti-Alkaline Phosphatase)- Methode mussten die Schnitte ü. N. bei 58°C in den Wärmeschrank. Am nächsten Tag erfolgte die Entparaffinierung in einer Alkoholreihe (10min Xylol, 5min Xylol, 2x 5min 100% Ethanol, 2x 5min 96% Ethanol, 2x 5min 70% Ethanol, 2x 5min destilliertes Wasser). Anschließend wurden die Schnitte demaskiert und in Puffer gelagert (**Tabelle 19**). Fand keine Demaskierung statt, konnten alle Objektträger direkt in den Puffer gestellt werden. Um bei der LSAB-HRP-Methode die endogene Peroxidase zu blockieren, wurden pro Schnitt einige Tropfen Peroxidase zugegeben. Diese wurde nach 5min abgeklopft und die Schnitte zurück in den Puffer gestellt. Es folgte die Inkubation des Primärantikörpers, anschließend für 15min die Inkubation mit dem Link (DAKO Kit) und für weitere 15min die Inkubation mit Streptavidin-AP/HRP (DAKO Kit). Bei der doppelten APAAP-Methode wurde der Primärantikörper inkubiert, anschließend folgte für 30min die Inkubation des Sekundärantikörpers und für weitere 30min die Inkubation mit APAAP. Die beiden letzten Schritte (Sekundärantikörper- und APAAP-Inkubation) wurden für jeweils 10min wiederholt. Zwischen den einzelnen Schritten wurden die Schnitte je 2x 3min in Puffer gewaschen. Die Farbgebung erfolgte für 10min mit dem Chromogen Fuchsin⁺ (LSAB-AP, APAAP) bzw. DAB (LSAB-HRP), welches nach der Inkubation mit Wasser abgespült wurde. Wollte man bei der LSAB-AP-Methode zusätzlich die endogene alkalische Phosphatase blockieren, konnte zum Fuchsin⁺ Levamisol zugegeben werden. Um die Kerne sichtbar zu machen, wurden die Schnitte für 5min ins Hämatoxylin gegeben, kurz abgespült und 5min im warmen Wasser gebläut. Anschließend konnten sie mit Aquatex eingedeckt werden. Die verwendeten Positivkontrollen sind in **Tabelle 20** aufgelistet.

Tabelle 19: Immunhistochemie der nachgewiesenen Antigene.

Antikörper	Methode	Puffer	Demaskierung
AMFR	LSAB-AP	PBS	5min sauer kochen in 0,01M Zitratpuffer PAK 30min RT
CD52	LSAB-HRP LSAB-AP APAAP DF	PBS PBS 2%BSA/PBS 0,05% PBST	10min Proteinase K, dann 10min Trypsin 0,05% RT PAK 30min RT
Claudin7	LSAB-HRP	PBS	5min sauer kochen in 0,01M Zitratpuffer PAK 30min RT
EFNA1	LSAB-HRP	PBS	10min Trypsin 0,05% 37°C PAK ü. N.
EFNA2	LSAB-HRP	PBS	10min Trypsin 0,05% 37°C PAK ü. N.
EFNB1	LSAB-HRP	PBS	10min Trypsin 0,05% 37°C PAK ü. N.
EFNB3	LSAB-HRP	PBS	10min Trypsin 0,05% 37°C PAK ü. N.
EphA1	LSAB-HRP	PBS	5min Trypsin 0,05% 37°C PAK ü. N.
EphA2	LSAB-HRP	PBS	10min Trypsin 0,05% 37°C PAK ü. N.
FGFR3	LSAB-HRP	PBS	10min Trypsin 0,05% 37°C PAK ü. N.
Ki67	LSAB-AP	0,05% PBST	5min sauer kochen in 0,01M Zitratpuffer PAK 30min RT

APAAP: Alkaline Phosphatase Anti-Alkaline Phosphatase. BSA: Bovine Serum Albumine. DF: Doppelfärbung. LSAB-AP: Labeled Streptavidin Biotin + Alkaline Phosphatase. LSAB-HRP: Labeled Streptavidin Biotin + Horseradish Peroxidase. PAK: Primärantikörper. RT: Raumtemperatur. ü. N.: über Nacht.

Tabelle 20: Positiv-Kontrollen der immunhistochemischen Färbung

Antikörper	Positiv-Kontrolle
AMFR	Leberkarzinom
CD52	Milz; interne positive Kontrolle: CD52-expimierende Lymphozyten
Claudin7	Mammakarzinom
EFNA1	Prostata
EFNA2	Mammakarzinom
EFNB1	Mammakarzinom
EFNB3	Leber
EphA1	Mammakarzinom
EphA2	Mammakarzinom
FGFR3	Mammakarzinom

3.2.1.4 Doppelfärbung CD52:Ki67

Für die Doppelfärbung wurde der Histostain-DS Kit von Zymed benutzt, bei welchem nach der LAB-SA (*Labeled Streptavidin-Biotin*)-Methode verfahren wurde. Die Schnitte wurden bis zur Demaskierung behandelt wie in 3.2.1.3 beschrieben. Anschließend wurden die Schnitte mit 0,05% Trypsin (10min) sowie kochen im Zitratpuffer (5min) demaskiert und in Puffer gelagert. Um die endogene Peroxidase zu blockieren, wurden pro Schnitt einige Tropfen Peroxidase zugegeben. Diese wurde nach 5min abgeklopft und die Schnitte zurück in den Puffer gestellt. Es folgte für 60min die Inkubation mit Ki67 (1:50), anschließend für 10min die Inkubation mit Reagenz 2 (100µl pro Schnitt), 10min die Inkubation mit Reagenz 3 (100µl pro Schnitt) und für weitere 10min die Farbreaktion mit Fuchsin⁺ (abspülen mit Wasser). Zur Überbrückung beider Antikörper erfolgte für 30min die Inkubation mit Reagenz 7 (100ml pro Schnitt). Anschließend begann die Färbung des zweiten Antikörpers: 60min Inkubation CD52 (1:20), anschließend für 10min die Inkubation mit Reagenz 2 (100µl pro Schnitt), 10min die Inkubation mit Reagenz 5 (100µl pro Schnitt) und für weitere 10min die Farbgebung mit DAB (abspülen mit Wasser). Zwischen den einzelnen Schritten wurden die Schnitte je 2x 3min in 0,05% PBST gewaschen. Um die Kerne sichtbar zu machen, wurden die Schnitte für 5min ins Hämatoxylin gegeben, kurz abgespült und 5min im warmen Wasser gebläut. Anschließend konnten sie mit Aquatex eingedeckt werden.

3.2.1.5 Immunhistochemische Auswertung (Scoring)

Zuerst bewerteten wir alle Schnitte durch eine 2-Punkte Skala (0 = keine Anfärbung, 1 = Anfärbung sichtbar). Zusätzlich wurde die Intensität der Anfärbung bewertet (+: schwach, ++: mittel, +++: stark). Um die Schnitte weiter zu charakterisieren, analysierten wir die immunhistochemischen Färbungen anschließend mittels des Immunreaktiven-Scores (Remmele und Stegner, 1987). Es wurden sowohl der gesamte Schnitt als auch die einzelnen Zellkomponenten bewertet. Der IRS-Score besteht aus: 1. Einem Score, der die Anzahl an positiven Zellen (PP) wie folgt bestimmt: 0 = keine Anfärbung, 1 = 1-25%, 2 = 26-50%, 3 = 51-75%, 4 = 76-100%. 2. Einem Farbeintensitätsscore (SI), welcher die Intensität der positive gefärbten Zellen

bestimmt (0 = keine Expression, 1 = schwache Expression, 2 = mittlere Expression, 3 = starke Expression. Der Immunreaktive-Score setzt sich anschließend aus dem Multiplikate von PP und SI zusammen ($IRS=PP \times SI$). Von IRS, PP und SI wurden jeweils die Mittelwerte der einzelnen Zellkomponenten errechnet. Signifikante Unterschiede errechneten wir mittels des Mann-Whitney-U-Testes ($p < 0,05$).

3.2.2 Zellkultur

3.2.2.1 Standardkultur

Die Kultivierung der Zellen erfolgte im Brutschrank bei 37°C und 5% CO₂. Zum Passagieren der Zellen wurden diese mit 1x PBS gespült und mit 3ml (für 75cm² Flaschen) bzw. 5ml (für 175cm² Flaschen) Trypsin abgelöst und 1:10 verdünnt. Das Ablösen der Zellen in 6-Well-Platten erfolgte mit 500µl Trypsin pro Well. Nach vollständiger Zellablösung wurde mittels Medium das Trypsin abgestoppt (Gesamtvolumen pro Ansatz in Flasche 10ml, pro Ansatz im 6-Well 1ml). Anschließend wurden die Zellen 5min zentrifugiert und mit 10ml (75cm²-Flaschen, 15ml bei 175cm²-Flaschen) neuem Medium versetzt bzw. weiterbehandelt. Zum Auszählen der Zellen verwendeten wir Zählkammern von Neubauer.

Um Zellen über einen längeren Zeitraum aufzubewahren, wurden sie vorerst trypsiniert. Nach der Zentrifugation wurde das Pellet in 1ml Medium/DMSO (900µl Medium + 100µl DMSO pro Kryoröhrchen) resuspendiert und in Kryoröhren gefüllt. Die stufenweise Abkühlung der Zellen erfolgte in Kryoboxen gefüllt mit Isopropanol bei -80°C. Diese Lösung kühlt pro Stunde um 1°C ab, wodurch die Zellen schonend eingefroren werden können. Anschließend wurden sie im flüssigen Stickstoff gelagert.

Beim Auftauen der Zellen musste möglichst schnell gearbeitet werden, um den zelltoxischen Effekten des DMSO entgegen zu wirken. Nach dem Entnehmen der Zellen aus flüssigem Stickstoff wurden diese bei 37°C in Wasserbad aufgetaut. Sobald sich die Zellen lösten, konnten sie tropfenweise in die mit 10ml Medium befüllten 75cm²-Flaschen gegeben werden. Über Nacht wurden die Zellen bei 37°C

und 5% CO₂ im Brutschrank inkubiert. Am nächsten Tag erfolgte ein Mediumwechsel, um das restliche DMSO zu entfernen.

3.2.2.2 Riesenzelltumor-Primärkultur

Der Riesenzelltumor wurde in 1x1cm große Stücke zerteilt und in 3ml Dispase/Kollagenase in PBS gegeben. Anschließend erfolgte ein Schütteln für 20min im Wasserbad bei 37°C. Die Suspension wurde dann 2x mit Medium zentrifugiert und in eine 75cm²-Flasche überführt. Nach 5-7maligem Passagieren der Zellen konnten nur noch die Fibroblasten-ähnlichen Zellen detektiert werden. Die multinukleären Riesenzellen und Makrophagen-ähnlichen Zellen proliferierten unter Zellkulturbedingungen nicht weiter.

3.2.2.3 Medien

DMEM/F12	Firma:	BioWhitaker
	Zusätze:	10% fötales Kälberserum 0,5% Penicillin/Streptomycin 1% ITS (Insulin-Transferrin-Selen) 100nM Hydrocortison
L15	Firma:	BioWhitaker
McCoys5A	Firma:	GIBCO
	Zusätze:	10% fötales Kälberserum 1% Penicillin/Streptomycin
OBGM	Firma:	PromoCell
Optimem	Firma:	GIBCO
RPMI 1640	Firma:	Biochrom
	Zusätze:	10% fötales Kälberserum 1% Penicillin/Streptomycin

3.2.3 RNS-Isolierung

Zur Vorbereitung wurden Mörser, Pistill und Spatel mit RNase-freiem Spray (Pretech Instruments; enthält RNase-Inhibitoren) gesäubert und in flüssigem Stickstoff vorgekühlt. Nach Gebrauch der Geräte sollten diese mit Meliseptol desinfiziert werden. Gewebestücke mit einer maximalen Kantenlänge von 0,5cm wurden im Stickstoff zu einem möglichst feinen Staub zermörkert und in ein 1,5ml Eppendorf-Tube überführt. Pro Ansatz wurde 1ml Trireagent hinzugegeben und für 10min bei 4°C auf höchster Stufe zentrifugiert. Der Überstand (fettarm, ohne Zell- und Gewebeschrott) kam in ein neues 1,5ml Eppendorf-Tube und wurde für 5min bei Raumtemperatur stehen gelassen. Anschließend wurden 160µl Chloroform hinzugefügt, das Gemisch für 15sek geschüttelt und im Eis stehengelassen (ca. 3min, währenddessen noch 2x gut mischen). Danach erfolgte für 15min bei 4°C und 12.090xg ein Zentrifugationsschritt. Die obere farblose Phase (RNS-Bestandteile) wurde in ein neues Eppendorf-Tube überführt, während die rote Phase (Proteine) und Interphase (DNS) verworfen werden konnte. Weiterhin wurden 400µl Isopropanol zur Fällung der RNS hinzugefügt und für 10min bei Raumtemperatur stehengelassen. Anschließend erfolgte erneut für 10min bei 4°C und 12.090xg ein Zentrifugationsschritt. Der Überstand wurde verworfen und das Pellet mit 800µl 70% Ethanol/DEPC gewaschen. Nach 5min Zentrifugation bei 4°C und 7.440xg konnte der Überstand abgenommen und das Pellet für 10-15min getrocknet werden. Zur weiteren Bearbeitung der Proben wurde der RNeasy Mini-Kit von Qiagen benutzt. Auf das getrocknete Pellet wurden 100µl RNase-freies Wasser und 350µl RLT Puffer gegeben. Anschließend erfolgte das Pipettieren der Suspension auf eine Qiagen Shredder-Säule mit Zentrifugation für 2min bei 12.090xg. Dadurch kann grober Zellschrott entfernt und das Lysat homogenisiert werden. Dem Lysat wurden 250µl Ethanol zugegeben und durch Auf- und Abpipettieren vermischt. Der Inhalt wurde auf eine RNeasy Minispin Säule (aufgesetzt auf ein 2ml Sammeltube) pipettiert und für 15sek bei 12.090xg zentrifugiert. Das Sammeltube mit dem Durchfluss konnte verworfen werden, während die Säule in ein neues 2ml Sammeltube gesetzt wurde. Nun wurden 350µl RW1 Puffer zugegeben und für 15sek bei 12.090xg zentrifugiert. Durch Pipettieren des DNase-Mix (10µl Stammlösung und 70µl RDD-Puffer pro

Säule) erfolgte für 15min bei Raumtemperatur der DNase Verdau. Anschließend wurden erneut 350µl RW1-Puffer zugegeben und die Säule für 15sek bei 12.090xg zentrifugiert. Der Überstand konnte verworfen und die Säule auf ein neues 2ml Sammel tube gesetzt und mit 500µl RPE-Puffer versetzt werden. Es erfolgte die Zentrifugation bei 12.090xg für 15sek. Dieser Schritt wurde wiederholt. Anschließend wurde für 2min bei 12.090xg zentrifugiert, die Säule in ein neues 2ml Eppendorf-Tube gesetzt und 1min bei max. Drehzahl trocken zentrifugiert. Die Säule wurde nun wiederum in ein neues 1,5ml Eppendorf-Tube gegeben und mit 30µl RNase-freiem Wasser versetzt, welches direkt auf die Säulenmembran pipettiert werden sollte. Es erfolgte für 1min bei 12.090xg die Zentrifugation. Falls die zu erwartende RNS-Ausbeute größer als 30µg war, sollte erneut 30µl RNase-freies Wasser direkt auf die Membran geben werden. Um eine höhere Gesamt-RNS-Konzentration zu erhalten, konnte das erste Eluat für diesen zweiten Elutionsschritt verwendet werden, indem es nochmals direkt auf die Säule gegeben wurde. Anschließend erfolgte die Konzentrationsbestimmung der RNS.

Für die RNS-Isolation aus Zellen wurde diese ausplattiert und bis zu einer Konfluenz von 70-80% kultiviert. Anschließend erfolgte die Ernte der Zellen. Das Zellpellet wurde in 350µl RLT Puffer resuspendiert. Die nachfolgenden Schritte gleichen der RNS-Präparation aus Gewebe.

Für die Konzentrationsbestimmungen der RNS wurde die optische Dichte (OD) bei einer Wellenlänge von 260nm mittels eines Photometers gemessen. Die 1:50 verdünnte Probe wurde in eine Quarzküvette gegeben. Die Konzentration der RNS berechnet sich aus der OD_{260} , der Verdünnung und einem für RNS-spezifischen Multiplikationsfaktor (40). Aus dem Verhältnis von OD_{260} zu OD_{280} erhält man zusätzlich Informationen über den Reinheitsgrad der RNS. Die Reinheit (Ratio) sollte zwischen 1,8 und 2,0 liegen

Die Qualitätsprüfung der RNS erfolgte mittels eines 1%igen Ethidiumbromid-Agarosegeles, wobei 100-500ng/µl RNS eingesetzt wurden. Die Agarose wurde im Elektrophoresepuffer 1x TAE (Tris-Acetat-EDTA-Puffer) gekocht (ca. 5min in der Mikrowelle bei höchster Stufe), bis sich diese löste. Zum Anfärben der RNS wurde Ethidiumbromid zugegeben. Das Agarose-Puffer-Gemisch goss man in einen

Gelschlitten und formte im Gel mit Hilfe eines Kammes Taschen. Nach Abkühlung und Erstarrung des Gels wurde es in eine Elektrophoresekammer gegeben und mit 1x TAE aufgefüllt. Jetzt konnten die Proben aufgetragen werden. Pro Geltasche wurden 6µl Gesamtvolumen pipettiert (1µl RNS-Ladepuffer, 5µl RNS). Als Größenstandart wurde eine 1kb-Leiter verwendet (5µl Marker + 1µl RNS-Ladepuffer). Anschließend legte man eine Spannung von 50V an. Nach der elektrophoretischen Auftrennung wurden die Gele bei UV-Licht betrachtet und fotografiert. Eine intakte RNS-Präparation wird durch zwei Banden für die 18S und 28S rRNS angezeigt. Das Fluoreszenzverhältnis beider sollte etwa 2:1 betragen.

3.2.4 RT-PCR (Reverse Transkriptase-Polymerase-Kettenreaktion)

Für die RT-PCR verwendeten wir den *One-Step* RT-PCR Kit von Qiagen (**Tabelle 21**). Bei jedem Durchlauf wurde eine Mastermixkontrolle (12,25µl Mastermix + 0,25µl Wasser) sowie eine Wasserkontrolle (12,5µl Wasser) mitgeführt. Als Positivkontrolle der Ephrin-Expression wurde RNS von HT29 und als Positivkontrolle für CD52 RNS der Lymphom-Zelllinie Hut78 verwendet.

Das typische Programm besteht aus Denaturierung, Annealing und Elongation (Extension), welches zyklisch wiederholt wird. Tabelle 22 zeigt das eingestellte Programm für die RT-PCR-Reaktion.

Die Auftrennung der PCR-Produkte erfolgte mittels eines 1,5%igen Ethidiumbromid-Agarosegels. Pro Geltasche wurden 6µl Gesamtvolumen (1µl RNS-Ladepuffer, 5µl PCR-Produkt) aufgetragen.

Tabelle 21: Pipettierschema für RT-PCR.

Komponente	Volumen/Reaktion [µl]	Endkonzentration pro Reaktion
Wasser	7,25	-
5x Puffer	2,50	1x = 2,5mM MgCl ₂
dNTP Mix	0,50	400µM pro dNTP
<i>Forward</i> Primer	0,75	0,6µM
<i>Reverse</i> Primer	0,75	0,6µM
Enzym	0,50	-
RNS	0,25	50ng/Reaktion

Tabelle 22: Programm der RT-PCR-Reaktion.

Cyclersschritt	Zeit	Temperatur	
RNS => cDNS	30min	50°C	
<i>Hot Start</i>	15min	95°C	
Denaturierung	30sek	95°C	Zyklen und Annealingtemperatur siehe Tabelle 15
Annealing	30sek	siehe Tabelle 15	
Extension	1min	72°C	
Endextension	10min	72°C	

3.2.5 Protein-Isolierung

Die entsprechenden Zellen wurden ausplattiert und bis zu einer Konfluenz von 70-80% kultiviert. Anschließend wurde mit kaltem 1x PBS gespült. Pro 10cm-Petrieschale wurden 250µl RIPA-Puffer und 37,5µl Complete (Protease-Inhibitoren-Gemisch) zugegeben und für 30min auf Eis inkubiert. Im Falle der SDS-Methode wurden pro 10cm-Petrieschale 500µl SDS-Lysepuffer (bzw. pro 6-Well 50µl SDS-Lysepuffer) zugegeben. Die Zellen konnten anschließend mit einem Gummischaber abgekratzt und in ein Eppendorf-Tube überführt werden. Es erfolgte für 5min und 4°C eine Zentrifugation bei 13.000rpm (Eppendorf-Zentrifuge 5415C Rotor F-45-18-11). Der Überstand wurde abgenommen, in eine neues Eppendorf-Tube überführt und mit 50µl 2x Probenpuffer versetzt. Zum Abschluss wurde alles für 10min bei 95°C denaturiert. Die Lagerung erfolgte bei -20°C.

3.2.6 Protein-Bestimmung (Amidoschwarz)

Als Referenzwerte für die Messung dienten standardisierte BSA-Lösungen, wobei die Eichreihe immer frisch angesetzt werden musste (**Tabelle 23**). Anschließend wurden je 2µl der Standards sowie der Proben auf eine Nitrozellulose-Membran getropft und für 1min in Amidoschwarz gefärbt. Die Entfärbung erfolgte mit Destain, bis nur noch an die Proteine gebundener Farbstoff sichtbar war. Für jede Probe wurden Eppendorf-Tubes mit 300µl Elution befüllt. Die Proteinspots wurden mit einem Skalpell ausgeschnitten und in die Elution gegeben. Es erfolgte für 30min

ein Schütteln bei Raumtemperatur, wodurch die Proteine entfärbt wurden. Anschließend wurden 200µl jeder Probe sowie der Eichreihe in eine 96-Well-Platte gefüllt. Der gelöste Farbstoff konnte im ELISA-Reader gemessen werden.

Tabelle 23: Eichreihe für Amidoschwarz-Proteinbestimmung.

Verdünnung	1xPBS [µl]	BSA [µl]	Konzentration [µg/µl]
1:2	5	5	10
1:4	6	2	5
1:10	9	1	2
1:20	19	1	1
1:40	39	1	0,5

BSA: *Bovine Serum Albumine* (Stammlösung 20µg/µl).

3.2.7 SDS-Polyacrylamid-Gelelektrophorese und Western blot

Um das Gel zu gießen benötigte man zwei Glasplatten mit Abstandshaltern (Spacer), einen Kamm und die entsprechende Gelkammer gefüllt mit Elektrophoresepuffer (Laufpuffer). Nach dem Gießen des Trenngels und dessen Polymerisation erfolgte das Gießen des Sammelgels sowie durch Einfügen des Kammes in die noch flüssige Sammelgellösung die Formierung der Geltaschen (**Tabelle 24**). Das dreidimensionale Polyacrylamid-Netzwerk wird durch Polymerisation des monomerischen Acrylamids und des quervernetzenden Tetramethylethyldiamin (TEMED) erzeugt. Die Proben wurden mit 2x Probenpuffer versetzt, für 5min bei 95°C denaturiert und mittels einer Hamilton-Pipette in die Taschen gefüllt. Als Marker wurden 7µl P7708S (Biolabs) verwendet. Das Sammelgel lief anschließend mit einer Spannung von 65V, während das Durchlaufen des Trenngels bei 100-150V erfolgte.

Tabelle 24: Herstellung des Trenn- und Sammelgels.

Reagenz	6%	8%	10%	12%	15%	4%
	Trenngel					Sammelgel
H ₂ O	5,3ml	4,6ml	4,0ml	3,3ml	2,3ml	6,1ml
30% Acrylamid	2,0ml	2,7ml	3,3ml	4,0ml	5,0ml	1,33ml
Puffer*	2,5ml					2,5ml
10% SDS	100µl					100µl
10% APS	100µl					50µl
TEMED	8µl	6µl	4µl	4µl	4µl	10µl

Die Gelprozentigkeit ist abhängig von der Größe des nachzuweisenden Proteins. Die Angaben gelten für jeweils ein 1,5mm dickes Gel bzw. zwei 0,75mm dicke Gele. *: Trenngelpuffer 1,5M Tris (pH 8,8) bzw. Sammelgelpuffer 0,5M Tris (pH 6,8).

Nach der Gelelektrophorese wurden die Gele vorerst für 12min im Blottingpuffer equilibriert. Anschließend wurde die Blotapparatur luftblasenfrei zusammengebaut (3x Whatmannfilter, Nitrozellulosemembran, Gel, 3x Whatmannfilter). Der Blotvorgang erfolgte für 1h bei 100mA (pro Gel) bei maximal 40V. Anschließend wurden die Gele mit einer Coomassie-Färbelösung bei Raumtemperatur für 1h angefärbt und in Coomassie-Destain ü. N. bei 4°C entfärbt. Coomassie-Brilliant Blau ist ein Farbstoff, der als blauer Komplex unspezifisch an die meisten Proteine bindet. Das Gel konnte am nächsten Tag fotografiert werden. Vor Beginn der Nachweisreaktion mussten die Membranen durch Blockade (1h in 5% Milchpulver/TBST) abgesättigt werden. Anschließend erfolgte die Bindung des Erstantikörpers (meist ü. N. bei 4°C) an eines der transferierten Proteine. Am Sekundärantikörper ist das Enzym Meerrettichperoxidase (HRP, POD) gebunden, über welche die Bindung an den primären Antikörper sichtbar gemacht werden kann. Bei Zugabe des Substrates ECL (*Enhanced Chemoluminescence Analysis Kit*, Amersham) liefert die Peroxidase ein lichtemittierendes Produkt. Zwischen Primär- und Sekundärantikörperreaktion bzw. nach Zugabe des Zweitantikörpers wurden die Membranen jeweils 3x 5min in 0,05% TBST gewaschen. Dokumentiert wurde die Reaktion über die Exposition eines Röntgenfilms. Zum Abgleich der Ladekontrolle bzw. zur Detektion eines erneuten Antigens wurden die Membranen für 10min in 0,05% TBST gewaschen, 1h in 1:10

verdünnter Striplösung (*Western blot Recycling Kit, Alpha Diagnostics*; in destilliertem Wasser) gestrippt und 2x für 5min in 1:20 verdünnter Blockinglösung (*Western blot Recycling Kit, Alpha Diagnostics*; in destilliertem Wasser) geblockt. Anschließend wurden erneut Primär- und Sekundärantikörper hinzugegeben und mittels ECL-Nachweis (*Enhanced Chemoluminescence Analysis Kit, Amersham*) sichtbar gemacht.

3.2.8 Durchflusszytometrie

Die Zellen wurden am Vortag entweder in 6-Well-Platten ausplattiert und behandelt oder direkt aus der Zellkulturflasche geerntet. Nach Absaugen des Mediums wurde das Zellpellet für 15min in Paraformaldehyd/PBS fixiert (5ml pro Pellet im 15ml-Falcon-Tube: 4ml 1x PBS + 1ml 4% Paraformaldehyd). Nach 10min erfolgte für 5min bei 233xg ein Zentrifugationsschritt. Anschließend wurde der Überstand abgesaugt und die Zellen ü. N. bei -20°C in Methanol permeabilisiert (1ml pro Pellet im 15ml-Falcon-Tube: 100µl 1x PBS + 900µl kaltes Methanol), um den Zugang der Antikörper ins Zellinnere zu erleichtern. Tags darauf wurde erneut bei 233xg zentrifugiert, das Pellet (pro Ansatz) in 200µl TBS resuspendiert und in 96-Rundwell-Platten überführt. Anschließend erfolgte ein weiterer Zentrifugationsschritt für 5min bei 233xg. Der Überstand wurde abgegossen („flippen“ der Platte) und es erfolgte die Zugabe von 30µl Primärantikörper (EFNA1, EphA2 und P-Erk) pro Well. Nach 1h Inkubation (Raumtemperatur) wurde bei 233xg zentrifugiert, die Platte geflippt und 50µl Sekundärantikörper hinzugegeben. Die Inkubation (1h Raumtemperatur) erfolgte im Dunkeln. War der Primärantikörper Fluoreszenz-markiert, musste keine Inkubation mit dem Sekundärantikörper erfolgen. Anschließend wurde für 5min bei 233xg zentrifugiert, die Platte geflippt und die Pellets in 200µl 2% FCS/PBS resuspendiert. Die Lösung wurde in vorgekühlte FACS-Tubes überführt, wo anschließend nochmals 300µl 2% FCS/PBS zugegeben wurden. Nachfolgend konnte am Zytometer gemessen werden.

3.2.8.1 CD52 und CD52:CD51/61 Doppelfärbung

Die Zellen wurden direkt aus der Zellkulturflasche geerntet. Nach Absaugen des Mediums wurde das Zellpellet 2x für 5min bei 837xg in 1x PBS gewaschen und anschließend in 100µl (pro Ansatz) 1% BSA/PBS resuspendiert. Es wurden erneut 2ml 1% BSA/PBS zugegeben und für 5min bei 837xg zentrifugiert. Für die intrazelluläre CD52-Bestimmung und die CD52:CD51/61 Doppelfärbung erfolgte für 12min die Fixierung der Zellen in 2ml 8% Paraformaldehyd/PBS mit anschließendem zweimaligen waschen in 1% BSA/PBS. Das Pellet wurde anschließend in 100µl (pro Ansatz) 1% BSA/0,2% Saponin/PBS resuspendiert. Nach Absaugen des Überstandes gab man 100µl 1:10 CD52:FITC bzw. 1:50 IgG₁:FITC in 1% BSA/PBS bzw. 1% BSA/0,2% Saponin/PBS zu und inkubierte 30min auf Eis. Für die CD52:CD51/61 Doppelfärbung gab man ein Gesamtvolumen von 100µl mit 1:10 CD52:FITC und 1:10 CD51/61:PE bzw. 1:50 IgG₁:FITC in 1% BSA/0,2% Saponin/PBS hinzu und inkubierte 30min auf Eis. Danach wurde 2x mit je 2ml 1% BSA/PBS bzw. 1% BSA/0,2% Saponin/PBS gewaschen (Zentrifugation 5min 837xg). Anschließend erfolgte nochmals mit 2ml 1x PBS das Waschen und Zentrifugieren. Das Pellet wurde in 200µl PBS aufgenommen. Die Messung und Auswertung der Daten erfolgte im DRFZ von Dr. Andreas Grützkau.

3.2.9 Indirekte Immunfluoreszenzfärbung

Die Zellen wurden direkt auf Objektträgern kultiviert. Bei ca. 50% Konfluenz wurden die Objektträger kurz in 1x PBS gespült und anschließend fixiert (**Tabelle 25**). Nach dem Trocknen konnten diese bei -20°C gelagert werden. Für die Immunfluoreszenzfärbung wurden die Objektträger aufgetaut und anschließen erneut fixiert (bei Aceton anschließend lufttrocknen), bevor sie in PBS gestellt wurden. Zur Färbung wurde ein Kammersystem von Shandon verwendet. Für die Färbung des Antigens EFNA1 erfolgte zusätzlich ein Blockadeschritt. (Anschließend nicht spülen, sondern direkt den Primärantikörper zugeben.). Danach wurde für 2h der Primärantikörper inkubiert, gefolgt von 45minütiger Einwirkzeit des Sekundärantikörpers (dunkel halten). Zwischen den Schritten wurde jeweils 3x mit

1ml 1x PBS (pro Schnitt) gewaschen. Die Kernfärbung erfolgte für 10min mit DAPI, bevor mit DABCO (auf 65°C vorgeheizt) eingedeckt werden konnte. Die Schnitte wurden nun im Fluoreszenzmikroskop angeschaut und fotografiert. Die Lagerung der Objektträger konnte für 3 Tage bei 4°C in einer abgedunkelten Kassette erfolgen.

Tabelle 25: Immunfluoreszenzfärbung.

	Fixierung	Permeabilisierung	Blockade	PAK	SAK	DAPI
P-FAK	10min Aceton	-	-	1:50 in PBS	Alexa594 1:200 in PBS	1:2500 in PBS
EFNA1	10min 1 % FA/PBS	5min 0,5 % TritonX/PBS	1h 3 % HS/PBS	1:50 in 3 % HS/PBS	Alexa594 1:200 in 3 % HS/PBS	1:2500 in PBS
EphA2	10min Aceton	-	-	1:10 in PBS	Alexa488 1:200 in PBS	1:2500 in PBS

Pro Schnitt wurden jeweils 100µl zugegeben. FA: Formaldehyd. HS: Pferdeserum. PAK: Primärantikörper. PBS: *Phosphate-buffered Saline*. SAK: Sekundärantikörper.

3.2.10 Transformation von *E. coli* und Transfektion von EphA2

Für die Transformation wurde der TA Cloning Kit von Invitrogen verwendet. *E. coli* Zellen (TOP10F, Invitrogen) wurden aufgetaut und in vorgekühlte Eppendorf-Tubes (je ein Röhrchen Zellen pro Eppendorf-Tube) gegeben. Diese versetzten wir mit 20ng des EphA2-Plasmids (pReceiver-M02) und inkubierten alles für 30min auf Eis. Damit die an die Zellwände der Bakterien angelagerte DNS hindurch gelangen konnte, wurden die Zellwände durch Hitzeschock (30sek 42°C Wasserbad) geschädigt. Danach wurde alles sofort wieder auf Eis gestellt. Anschließend konnten 250µl SOC-Medium zugegeben werden (1h 37°C schütteln). In der Zwischenzeit wurde Agar erwärmt, mit 20µl/20ml Ampizilin versetzt und auf Petrischalen gegossen (20ml Agar = eine Platte). Plattenkulturen ermöglichen die Isolation von Einzelkolonien durch Selektion transformierter Bakterien mit einem Antibiotikum. Nach Abkühlung der Platten wurden 100µl der Zellen mit einem sterilen Spatel ausplattiert und für 16-18h im Brutschrank inkubiert (Platten umgedreht hinstellen, da sonst Kondenswasser auf die Bakterien tropft.). Von den auf den Platten gewachsenen Bakterien wurde eine Kolonie mit einer 10µl-Spitze abgenommen, in LB-

Wachstumsmedium (versetzt mit 50µg/ml Ampizilin [200µl Ampizilin auf 200ml LB-Medium]) gegeben und für 16-18h bei 37°C inkubiert (schütteln).

Zur DNS-Präparation wurde der Qiagen Plasmid Kit benutzt. Die Bakterien wurden durch Zentrifugation (10min 4°C 3.000xg) geerntet und mit 10ml P1-Puffer versetzt (auf Eis). Anschließend wurde 10ml P2-Puffer zugegeben und die Bakterien für maximal 5min lysiert. Danach folgten 10ml P3-Puffer für 20min mit anschließender Zentrifugation (20.000xg 30min 4°C). Die DNS befand sich nun im Überstand. Qiagen-Tip-500 Säulen wurden mit 10ml QTB-Puffer equilibriert und mit dem Überstand aus dem vorherigen Schritt benetzt. Anschließend wurde 2x mit 30ml QC-Puffer gewaschen. Die DNS wurde nun mit 18ml QF-Puffer eluiert und mit 5,6ml Isopropanol präzipitiert. Das Ganze wurde gemischt und für 30min bei 4°C und 15.000xg zentrifugiert. Das DNS-Pellet wurde mit 5ml Ethanol gewaschen und erneut für 10min bei 15.000xg zentrifugiert. Der Überstand wurde verworfen und das Pellet getrocknet. Die DNS wurde abschließend in EB-Puffer resuspendiert und konnte im Photometer gemessen werden (Multiplikationsfaktor 50).

Für die EphA2-Transfektion verwendeten wir FuGene6 (Roche). Der Nachweis der Expression und die Bestimmung der Transfektionseffizienz wurden über das Plasmid EGFP (*Enhanced Green Fluorescent Protein*) durchgeführt. Pro 6-Well wurde die Transfektionseffizienz durch Anschauen der grün leuchtenden Zellen eines Gesichtsfeldes (*High Power Field*, HPF) prozentual zur Gesamtzellzahl abgeschätzt. Der Leervektor pcDNA3 diente zur Kontrolle der Transfektion. Die Plasmid-DNS von EGFP wurde von Frau Dr. Irina Nazarenko bzw. jene für den Leervektor pcDNA3 von Frau Jana Keil zu Verfügung gestellt.

Für die transiente Transfektion von EphA2 wurden HOS Zellen ($1 \cdot 10^5$ Zellen/ml) in 6-Well-Platten ausplattiert und 24h inkubiert. Am nächsten Tag wurden 100µl Optimem pro Ansatz vorgelegt, mit 3µl FuGene6 versetzt und für 5min bei Raumtemperatur stehen gelassen. Anschließend wurden 1µg/µl DNS hinzugegeben (EphA2, pcDNA3, EGFP) und für 20min bei Raumtemperatur inkubiert. In der Zwischenzeit wurde das Medium von den Zellen abgesaugt und durch 1ml neues Optimem ersetzt. Der Inhalt der DNS-Röhrchen wurde nun in die Wells pipettiert und für 48h im Brutschrank inkubiert. Anschließend erfolgte die Proteinisolierung

bzw. das Ausplattieren für den MTT-Assay in 96-Well-Platten sowie in 96-Well-PolyHemaPlatten.

3.2.11 Herstellung der PolyHema-Platten

Das PolyHema-Granulat (Poly-2-Hydroxyethyl-Methacrylat) wurde im Verhältnis 5mg pro 1ml in 100% Ethanol gelöst. Anschließend wurden 100µl/Well in die 96-Well-Platten gegeben. Das Ethanol verdampfte bei 37°C im Trockeninkubator. Anschließend mussten die Platten 3-4 Tage trocknen.

3.2.12 Behandlung von Osteosarkom-Zellen mit EFNA1/F_c

Sofern nicht anders angegeben, wurden die jeweiligen Zellen in einer Konzentration von $1 \cdot 10^5$ Zellen/ml ausplattiert (Objektträger, 6-Well-Platten oder 96-Well-Platten) und für 24h im Brutschrank kultiviert. Anschließend erfolgte die Behandlung mit 1µg/ml EFNA1/F_c für die indizierten Zeitpunkte. Beim Dosis-Versuch wurden unterschiedliche EFNA1/F_c-Konzentrationen benutzt.

3.2.13 MTT-Assay

Die entsprechenden Zellen wurden entweder zuvor transfiziert oder direkt in 96-Well-Platten (2D) bzw. 96-Well-PolyHema-Platten (3D) ausplattiert (100µl/Well). Die jeweilig eingesetzten Zellzahlen können in **Tabelle 26** abgelesen werden. Die PolyHema-beschichteten Platten stellte Frau Iwona Stelniec zur Verfügung. Nach dem Ausplattieren wurden die Zellen mit 1µg/ml EFNA1/F_c (100µl/Well) behandelt und für 24h bis 96h inkubiert (2D-Platten). Die Behandlung mit EFNA1/F_c auf den 3D-Platten erfolgte alle 24h, indem das alte Medium abgesaugt und durch neues Medium mit dem löslichen Liganden ersetzt wurde. Alle 24h wurde auf die entsprechenden Wells 10µl (bei 100µl Gesamtvolumen/Well) bzw. 20µl (bei 200µl Gesamtvolumen/Well) MTT *Labeling Reagent (Cell Proliferation Kit, Roche)* zugegeben. Nach 3ständiger Inkubation folgten 100µl *Solubilization Solution (Cell*

Proliferation Kit, Roche) und die Zellen wurden für 24h im Brutschrank inkubiert. Am darauf folgenden Tag konnte am ELISA-Reader gemessen werden.

Tabelle 26: Eingesetzte Zellzahlen beim MTT-Assay.

Versuch	HOS	MNNG/HOS
Transfektion 2D	1000Zellen/100µl	-
Transfektion 3D	1000Zellen/100µl	-
EFNA1/Fc-Behandlung 2D	500Zellen/100µl	750Zellen/100µl
EFNA1/Fc-Behandlung 3D	750Zellen/100µl	750Zellen/100µl

3.2.14 Behandlung mit U0126

Die jeweiligen Zellen wurden in einer Konzentration von $1 \cdot 10^5$ Zellen/ml ausplattiert und für 24h im Brutschrank kultiviert. Anschließend erfolgte die Behandlung mit 50µM U0126 bzw. zur Kontrolle mit 50µM DMSO für die indizierten Zeitpunkte.

3.2.15 Serumisolation

Für die Serumisolation wurde freiwilligen Spendern Blut für jeweils 4 Plasmaröhrchen abgenommen. Das Blut gerann nach 30min bei Raumtemperatur und wurde für 20min bei 4°C und 1.500rpm (Zentrifuge von Beckmann, Allegra 6R, Rotor GH-3.8) zentrifugiert. Anschließend konnte der Überstand mit dem Serum abgenommen werden. Zur Hitzeinaktivierung des Serums bzw. der Komplementkomponenten wurde dieses für 1h bei 56°C erhitzt.

3.2.16 Behandlung von Osteosarkom-Zellen mit CAMPATH-1H

MNNG/HOS Zellen wurden in einer Konzentration von $1 \cdot 10^4$ Zellen/ml in 96-Well-Platten bzw. $1 \cdot 10^5$ Zellen/ml in 6-Well-Platten ausplattiert und für 24h inkubiert. Anschließend erfolgte die Behandlung mit den jeweils angegebenen Konzentrationen CAMPATH-1H für 24h bis 96h. Danach konnte mittels MTT-Assay die Anzahl an proliferierenden Zellen bestimmt bzw. Proteine mittels SDS-Lysepuffer isoliert werden. Im Falle der Komplement-vermittelten zellulären Zytotoxizität wurde der

CAMPATH-1H-Antikörper in Medium mit 10% humanem Serum angesetzt. Als Kontrolle wurde 10% hitzeinaktiviertes Serum verwendet.

3.2.17 DNS Oligonukleotid-Microarray

Ein Oligonucleotid-Microarray besteht aus einzelsträngigen Nukleinsäuremolekülen, die in rechteckiger, matrixartiger Anordnung auf einem Chip immobilisiert sind. RNS von Osteosarkomen (n=9), Riesenzelltumoren (n=8), abriebinduzierten Membranen (n=2) und HOBc (n=1) wurden mittels des RNeasy Mini Kits (Qiagen) isoliert und durch UV-Spektroskopie quantifiziert. 5µg der RNS wurde in cDNS umgeschrieben und mittels *in vitro* Transkription amplifiziert. Die durch T₇-RNS-Polymerase biotinylierten Ribonukleotide wurden in die wachsenden cRNS-Stränge eingebaut (BioArray High Yield RNS Transkription Kit, Enzo Diagnostics, Farmingdale, N.Y.). Die amplifizierte cRNS wurde gereinigt, fragmentiert und auf HG U133A Microarrays (Affymetrix, Santa Clara CA) hybridisiert (15µg). Die Detektion erfolgte durch Anfärben der DNS-cRNS Hybride mit Steptavidin-Phycoerythrin und nach Anregung durch einen Argon-Ionen-Laser. Der Datenscan erfolgte mittels Microarray Suite 5.0 Software (Affymetrix), Data Mining Tool 3.0 (Affymetrix) und GeneSpring Software Package 6.1 (Silicon Genetics, Redwood City, CA). Der benutzte Affymetrix Genchip HG U133A detektiert mit seinen 22.308 Sondensätzen 13.220 bekannte Gene und 5.413 EST-Cluster (*Expressed Sequence Tags*). Jedes Gen wird durch 11 verschiedene Oligonukleotide repräsentiert (www.affymetrix.com). Als interne „Mismatch“ Kontrollen werden sequenz-spezifische Oligonukleotide verwendet, die eine zentrale Punktmutation aufweisen. Die Hybridisierung der Proben erfolgte von Frau Dr. Ute Ungethüm im Labor für funktionelle Genomforschung (LFGC) der Charite. Das vollständige Standardprotokoll der Hybridisierung kann unter www.charite.de/lfgc nachgelesen werden. Die Auswertung der Microarray Daten erfolgte in Kooperation mit Herrn Dr. Ralph-Jürgen Kuban vom LFGC der Charite. Die Datenanalyse wird im Ergebnisteil beschrieben.

4 Microarray Analyse in Osteosarkomen

4.1 Ergebnisse der Microarray Analyse

4.1.1 Datenanalyse

Für die Microarray Analyse wurden fünf konventionelle Osteosarkome (OS1, OS9, OS15, OS18, OS24), vier Osteosarkom-Metastasen der Lunge (OS4, OS6, OS11, OS16) und die humane nicht-neoplastische Osteoblasten-Zelllinie HOBc analysiert. Die RNS der Proben wurden auf Affymetrix HG U133A Arrays im LFGC (Labor für funktionale Genomforschung) von Frau Dr. Ute Ungethüm hybridisiert. Einschließlich der Replikate wurden insgesamt 20 Chips verwendet. Die Auswertung der Array Analyse erfolgte in Zusammenarbeit mit Dr. Hans-Jürgen Kuban vom LFGC. Die RNS von OS24 zeigte sehr schwache Signale, so dass bei der Analyse der Daten beschlossen wurde, diese Osteosarkom-Probe aus der weiteren Auswertung herauszunehmen, da vermutlich die RNS schon degeneriert vorlag. Dies würde zu falschen Ergebnissen während der Auswertung führen. **Abbildung 7** verdeutlicht den Verlauf der gesamten Experimente.

Für die Datenanalyse der Normalkontrolle gegenüber den Osteosarkomen wurden sechs Muster gebildet (**Abbildung 8**). Die Kriterien der Musterbildung sind in **Tabelle 27** aufgelistet. Anschließend erfolgten drei verschiedene Auswertungen:

- 1.) Hierarchische Musterbildung aller Proben (**Kapitel 4.1.2**)
- 2.) Nicht-neoplastische Kontrolle HOBc verglichen mit Osteosarkomen (**Kapitel 4.1.3**)
- 3.) Konventionelle Osteosarkome verglichen mit metastatischen Osteosarkomen (**Kapitel 4.1.4**)

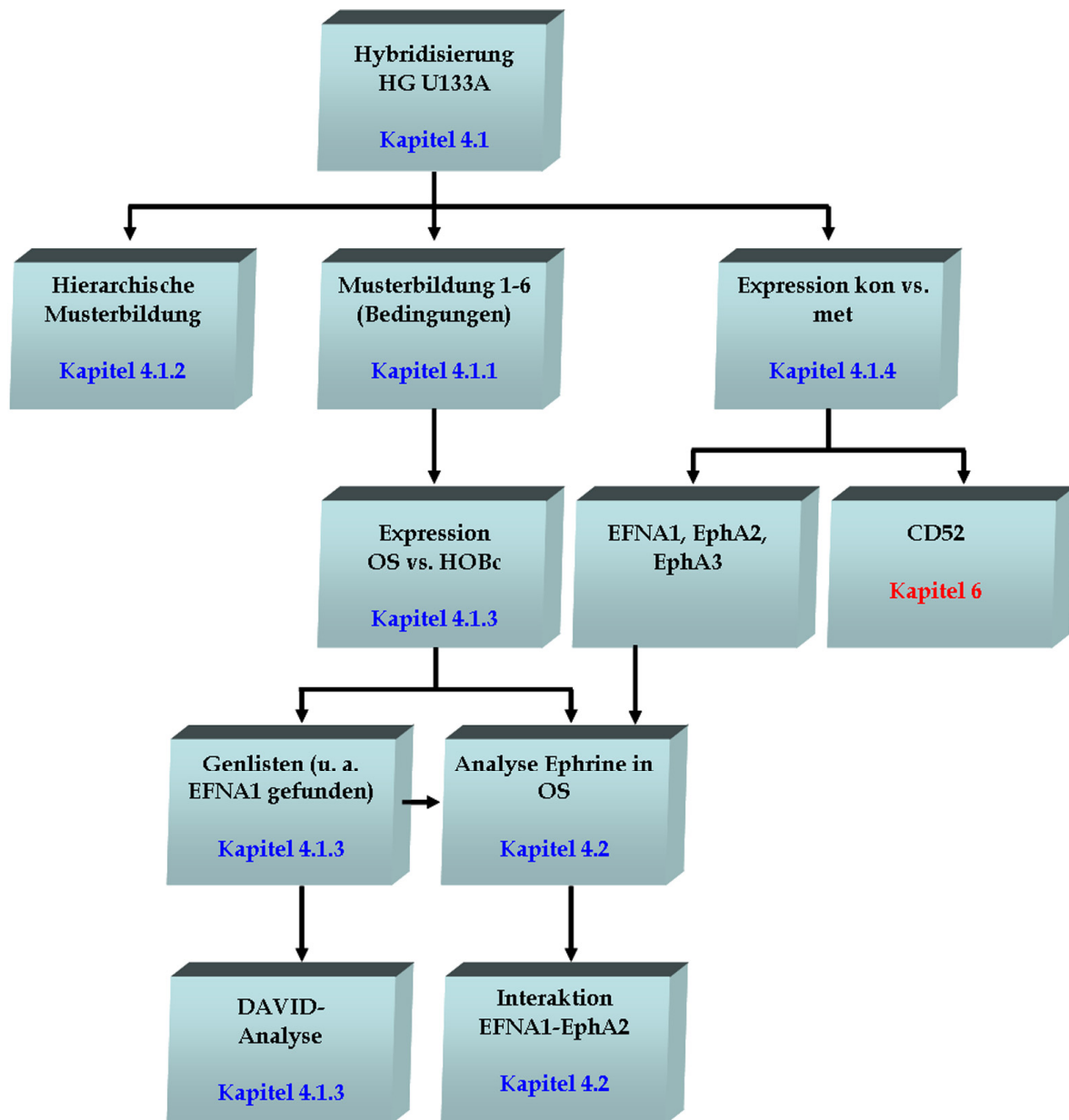


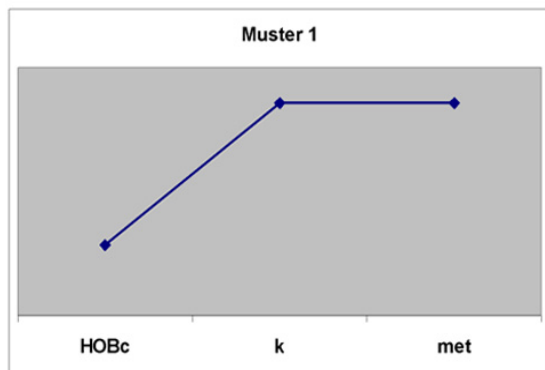
Abbildung 7: Flussdiagramm zur Microarray Analyse.

kon: konventionelles Osteosarkom. met: metastatisches Osteosarkom. OS: Osteosarkom.

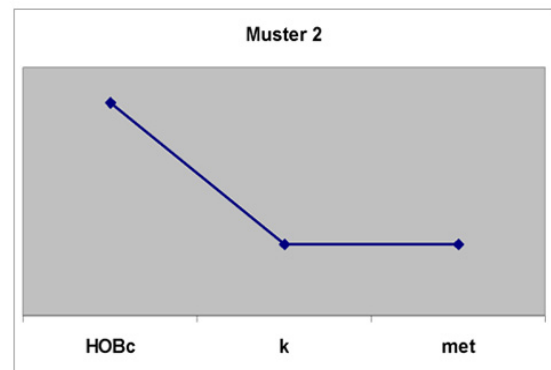
Tabelle 27: Kriterien der Musterbildung aus der Osteosarkom Microarray Analyse.

Muster	Bedingungen	Gene
Muster 1: Aufreguliert in OS vs. HOBc	1. Gene müssen in jeweils beiden Replikaten der met als anwesend gewertet werden 2. differentiellen Expression von k vs. HOBc und met vs. HOBc ($>1,5$) 3. keine differentielle Expression zwischen k und met ($<1,7$)	1163
Muster 2: Abreguliert in OS vs. HOBc	1. Gene müssen in jeweils beiden Replikaten von HOBc als anwesend gewertet werden 2. differentiellen Expression von k vs. HOBc und met vs. HOBc ($>1,5$) 3. keine differentielle Expression zwischen k und met ($<1,5$)	2059
Muster 3: Abreguliert in k vs. met/HOBc	1. Gene müssen in jeweils beiden Replikaten von HOBc als anwesend gewertet werden 2. differentiellen Expression von HOBc vs. k (abreguliert in k $>1,5$) und HOBc vs. met (abreguliert in met $>1,5$) 3. differentielle Expression zwischen k und met zugelassen (aufreguliert in met $>1,5$)	442
Muster 4: Aufreguliert in k vs. met/HOBc	1. Gene müssen in jeweils beiden Replikaten von k und met als anwesend gewertet werden 2. differentiellen Expression von HOBc vs. k (aufreguliert in k $>1,5$) und HOBc vs. met (aufreguliert in met $>1,5$) 3. differentielle Expression zwischen k und met zugelassen (abreguliert in met $>1,5$)	71
Muster 5: Aufreguliert in met vs. k/HOBc	1. Gene müssen in jeweils beiden Replikaten von k und met als anwesend gewertet werden 2. differentiellen Expression von HOBc vs. k (aufreguliert in k $>1,5$) und HOBc vs. met (aufreguliert in met $>1,5$) 3. differentielle Expression zwischen k und met zugelassen (aufreguliert in met $>1,5$)	140
Muster 6: Abreguliert in met vs. k/HOBc	1. Gene müssen in jeweils beiden Replikaten von HOBc als anwesend gewertet werden 2. differentiellen Expression von HOBc vs. k (abreguliert in k $>1,5$) und HOBc vs. met (abreguliert in met $>1,5$) 3. differentielle Expression zwischen k und met zugelassen (abreguliert in met $>1,5$)	639

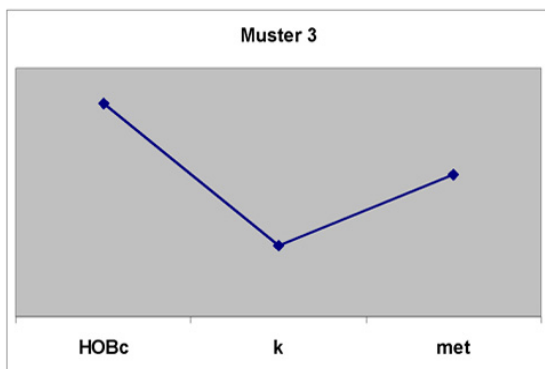
Anwesend/Abwesend: Werte, die über/unter dem Hintergrund der internen Kontrollgene liegen. k: konventionelles Osteosarkom. met: metastatisches Osteosarkom. OS: Osteosarkom.



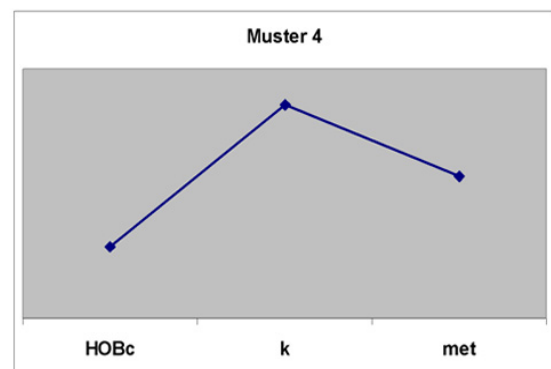
1163 Gene



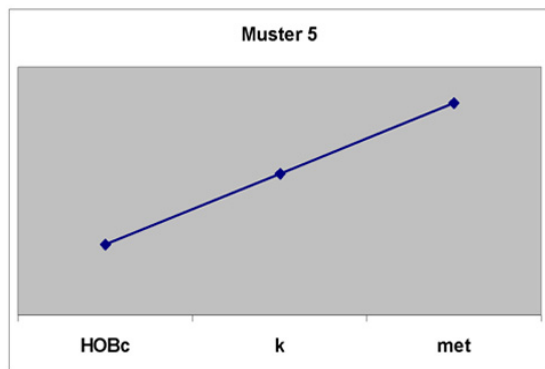
2059 Gene



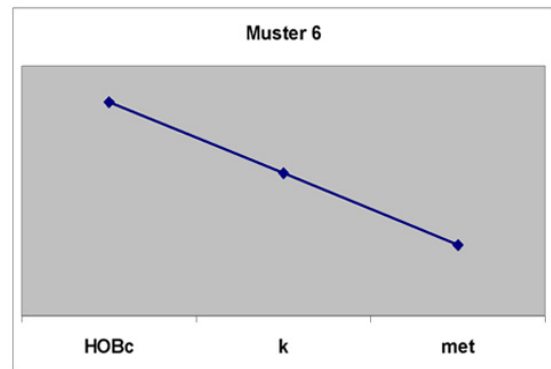
442 Gene



71 Gene



140 Gene



639 Gene

Abbildung 8: Muster 1-6 der Datenanalyse von Osteosarkomen vs. HOBc.

k: konventionelle Osteosarkome. met: metastatische Osteosarkome.

Mittels DAVID (*Database for Annotation, Visualization and Integrated Discovery*; <http://david.abcc.ncifcrf.gov/home.jsp>) können die Gene der sechs Muster in funktionelle Gruppen eingeteilt werden. Um Gene in Gruppen zusammenzufassen,

die funktionell stark zueinanderzugehörig sind, wurde die höchste Stringenz verwendet (**Tabelle 28**). Der „*Similarity Term Overlap*“ gibt die minimale Anzahl an überlappenden Annotationen zwischen zwei Genen an. Je höher der Wert ist, desto signifikanter ist das Ergebnis. Der „*Similarity Threshold*“ beschreibt den minimalen Kappa-Wert, der die biologische Relevanz der jeweiligen Gruppe betrachtet. Je höher der Schwellenwert ist, desto mehr Gene fallen in ungebündelte Gruppen. Dadurch erhöht sich die Qualität der funktionellen Klassifikation mit kleineren Gruppen und weniger Mitgliedern innerhalb der Gruppen. Zur Klassifizierung der Gruppen werden drei Unterscheidungen getroffen: 1.) „*Initial Group Member*“, was die minimale Anzahl an Genen in einer Gruppe angibt, die die minimale Größe jeder Gruppe bestimmen. Niedrigere Werte resultieren in mehr Genen in den funktionellen Gruppen. Dies führt zu einer Vielzahl an Gruppen mit kleiner Größe. 2.) „*Final Group Membership*“, welcher die minimale Größe der funktionellen Gruppen kontrolliert. Wird der Wert sehr hoch eingestellt, fallen sehr kleine annotierte Gruppen in die ungebündelte Gruppe (*Unclustered Group*). 3.) „*Multiple Linkage Threshold*“, der die Vermischung der einzelnen Gruppen kontrolliert. Ein höherer Prozentsatz führt zu größerer Separierung. Der „*Count Threshold*“ gibt die minimale Anzahl an Genen an, die in einer Gruppe sein müssen, während der „*EASE Threshold*“ den modifizierten Fisher Exakt p-Wert (Prüfmethode auf statistische Signifikanz) beschreibt. Letztendlich sortiert der „*Group Enrichment Score*“ (GES) die Gene einer Gruppe nach ihrer biologischen Signifikanz basierend auf dem EASE Score aller Annotationen. Als Begriffsbeschreibung der Gruppen wurden jene der „*Gene Ontology*“ von Affymetrix benutzt (molekulare Funktion, biologische Prozesse).

Tabelle 28: Optionen der DAVID-Analyse.

Kappa Similarity	<i>Similarity Term Overlap:</i> 5	<i>Similarity Threshold:</i> 0,5	
Klassifizierung	<i>Initial Group Member:</i> 5	<i>Final Group Membership:</i> 5	<i>Multiple Linkage Threshold:</i> 0,5
<i>Count Threshold</i>	5		
<i>EASE Threshold</i>	0,05		

Es wurde die höchste Stringenz benutzt.

4.1.2 Hierarchische Musterbildung

Als erstes wurde von den 22.283 Genen auf dem Chip ein hierarchisches Muster mittels *One-Way*-ANOVA-Analyse ($p < 0,05$, alle Replikate gleich, in mindestens zwei Experimenten Signale über dem Hintergrund von 5.000) erstellt. Es wurden 5.277 differentiell exprimierte Gene innerhalb der Gruppen HOBc, konventionellen und metastatischen Osteosarkomen gefunden. In dieser Liste konnten die Ephrine *EFNA1*, *EphA2* und *EphA3* als differentiell exprimiert detektiert werden. Auf sie wird im **Kapitel 4.2** näher eingegangen. Das System teilte selbstständig die Gewebe und Zellen in die entsprechenden Gruppen ein (**Abbildung 9**). Trotz der Gruppenzugehörigkeit konnte innerhalb der einzelnen Osteosarkom-Proben eine große Heterogenität festgestellt werden. Bei den Replikaten hingegen wurde eine hohe Übereinstimmung gefunden.

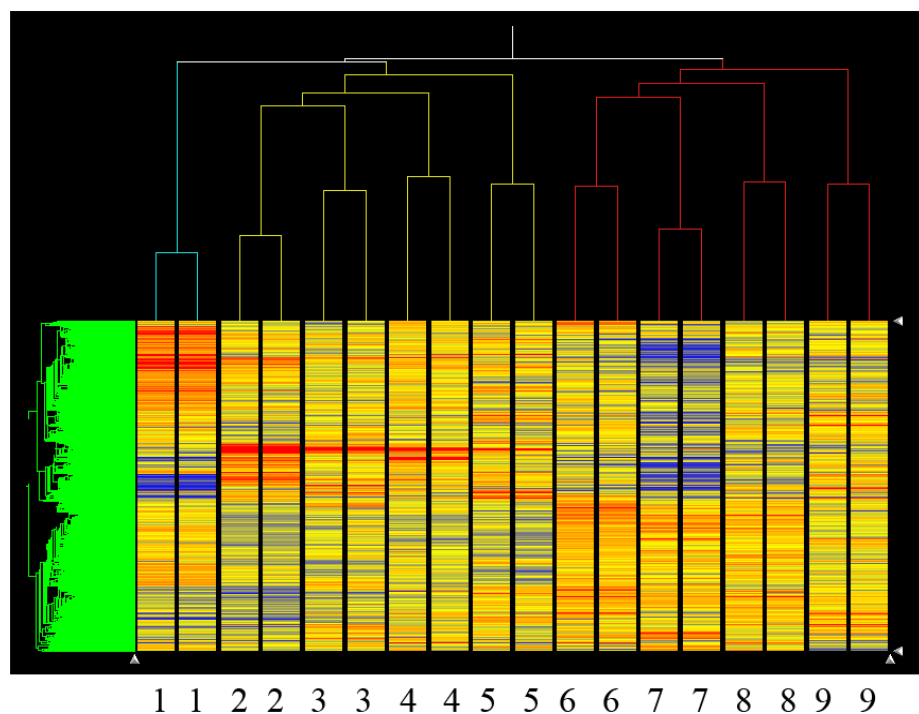


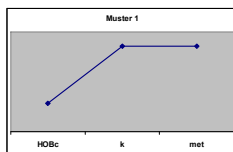
Abbildung 9: Systematische Mustererkennung aller differentiell exprimierten Gene.

Verglichen wurden HOBc (1), metastatische (2-5) und konventionelle (6-9) Osteosarkome. 1: HOBc. 2: OS11. 3: OS4. 4: OS16. 5: OS6. 6: OS15. 7: OS1. 8: OS9. 9: OS18.

4.1.3 Differentielle Expression zwischen Kontrolle und Osteosarkom

Im weiteren Verlauf wurden die Osteosarkome gegenüber der Normalkontrolle anhand von sechs unterschiedlichen Mustern analysiert und mittels DAVID funktionell annotiert sowie klassifiziert. Die kompletten Genlisten der jeweiligen Muster befinden sich im **Anhang Tabelle 51 - Tabelle 56**.

4.1.3.1 Muster 1



Von den 1.163 aufregulierten Genen im Osteosarkom verglichen zur Normalkontrolle zeigten 125 Gene eine 5fache Überexprimierung. 31 Gene lagen sogar mehr als 10fach stärker transkribiert vor. Unter ihnen waren ein EST (202746_at), ein hypothetisches Protein (218678_at) und vier annotierte RNS-Sequenzen ohne bekannte Proteinfunktion (201720_s_at, 213068_at, 201116_s_at, 266_s_at). Die restlichen 25 Gene sind in **Tabelle 29** aufgeführt. Interessant ist v. a. die starke Expression von CXCR4 in den Osteosarkomen, da dieser Rezeptor invers mit dem Überleben ohne das erneute Auftreten von Metastasen im Osteosarkom korreliert (Laverdiere et al., 2005). Auch der Tyrosinkinase-Ligand *EFNA1* wurde als stark überrepräsentiert in den Osteosarkomen verglichen zu HOBc gefunden. Da Ephrine und deren Rezeptoren eine große Rolle während der Tumorentstehung und Tumorentwicklung spielen, wurde auf diese Familie in **Kapitel 4.2** näher eingegangen. Mittels DAVID wurden die 25 Gene anschließend in funktionelle Gruppen, die bestimmte biologische Prozesse repräsentieren, eingeteilt. 20% der Gene wiesen mit hoher Signifikanz eine Zugehörigkeit zu Zelladhäsionsprozessen auf ($p=0,016$), 28% der Gene waren mit Entwicklungsprozessen assoziiert ($p=0,048$) und 24% der Gene standen im Zusammenhang mit der Stressantwort ($p=0,021$). Die restlichen Gene wurden der wenig spezifischen Gruppe der physiologischen Prozesse zugeordnet (36%, $p=0,021$). Die funktionelle Analyse aller Gene dieses Musters ergab die höchste Genanzahl in der Gruppe der Transkriptionsregulierung

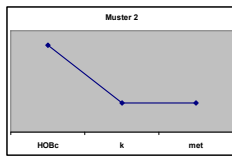
(GES 4,3) sowie der Proteinkinaseaktivität (GES 2,7). Beides sind wichtige Prozesse im Verlauf der malignen Transformation von Zellen. Weiterhin wies die funktionelle Analyse die Gruppe der *Cadherine* mit einem GES von 8,5 als bedeutsam für das biologische System der Osteosarkome aus. Cadherine sind im Osteosarkom häufig missexprimiert und spielen vermutlich eine große Rolle bei der Tumorentstehung und Tumorentwicklung. Beispielweise konnte gezeigt werden, dass im Osteosarkom die intakte Form von Cadherin 11 supprimiert wird, hingegen eine Splicevariante von Cadherin 11 stärker exprimiert wird (Kashima et al., 1999; Kashima et al., 2003). Diese führt vermutlich zur Dysfunktion der eigentlichen Cadherin-Funktion, da die zytoplasmatische Domäne verkürzt vorliegt (Kawaguchi et al., 1999).

Tabelle 29: Mindestens 10fach überexprimierte Gene im Osteosarkom verglichen zu HOBc (Muster 1).

ID	cf	Gen
207370_at	41,7	Integrin-binding sialoprotein
201721_s_at	29,8	Lysosomal-associated multispinning membrane protein-5
217028_at	25,7	CXCR4
204712_at	22,2	Wnt inhibitory factor-1
203305_at	20,6	Coagulation factor XIII, A1
215049_x_at	19,0	CD163 antigen
201117_s_at	18,6	Carboxypeptidase E
204379_s_at	17,8	Fibroblast growth factor receptor 3
202878_s_at	15,9	Complement component 1, q subcomponent, receptor 1
207977_s_at	15,8	Dermatopontin
215783_s_at	14,5	Alkaline phosphatase, liver/bone/kidney
217897_at	14,5	FXD domain-containing ion transport regulator 6
206488_s_at	13,7	CD36 antigen
203645_s_at	13,6	CD163 antigen
221558_s_at	13,5	Lymphoid enhancer-binding factor 1
218002_s_at	13,4	BRAC
202023_at	13,0	Ephrin-A1
209087_x_at	12,2	Melanoma cell adhesion molecule
219478_at	12,1	WAP four-disulfide core domain 1
208146_s_at	11,1	Carboxypeptidase, vitellogenic-like
219607_s_at	11,0	Membrane-spanning 4-domains, subfamily A, member 4A
211343_s_at	10,7	Collagen, type XIII, alpha 1
202747_s_at	10,6	Integral membrane protein 2A
214574_x_at	10,2	Lymphocyte antigen 117
209301_at	10,1	Carbonic anhydrase II

cf: change fold. ID: Affymetrix-Identität.

4.1.3.2 Muster 2



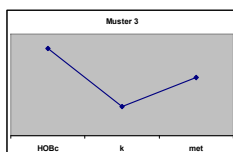
Von den 2.059 abregulierten Genen im Osteosarkom verglichen zur Normalkontrolle zeigten 142 Gene eine 5fache Unterexpression. 37 Gene lagen sogar mehr als 10fach schwächer transkribiert vor. Unter ihnen waren ein hypothetisches Protein (204508_s_at) und 12 annotierte RNS-Sequenzen ohne bekannte Proteinfunktion (201107_s_at, 201108_s_at, 213112_s_at, 212226_s_at, 201109_s_at, 212344_at, 214767_s_at, 212230_at, 212992_at, 204037_at, 202765_s_at, 204036_at). Die restlichen 24 Gene sind in **Tabelle 30** aufgeführt. Interessant ist v. a. die starke Expression von *Cytochrome P450* in HOBc, da dieses Oxidanz zu einer Gruppe von Enzymen gehört, welche bei der Inaktivierung von Therapeutika gegen Krebs wie beispielsweise Etoposide, Ifosfamide und Doxorubizin eine Rolle spielen (Dhaini et al., 2003). Mittels DAVID wurden die 24 Gene anschließend in funktionelle Gruppen eingeteilt. Die drei Hauptgruppen der biologischen Prozesse umfassten Zellkommunikation ($p=0,020$), Zellsignalgebung ($p=0,004$) und Entwicklung ($p=0,006$). Ordnet man die Gruppen nach ihrer Zugehörigkeit zur molekularen Funktion, erhält man vorwiegend ihre Beteiligung an Protein- und Rezeptorbindung. Bei der Annotierung aller abregulierten Gene in den Osteosarkomen fiel auf, dass eine große Anzahl an Mitgliedern der *Rab*-Familie detektiert werden konnte ($n=13$). Rab's sind kleine GTPasen, die zur Ras-Superfamilie gehören und wichtige Funktionen bei der Vesikel-Bildung, -Fusion- und -Bewegung ausüben (Stenmark und Olkkonen, 2001). Die Deregulation der Rab-Expression spielt bei vielen humanen Tumoren eine Rolle (Cheng et al., 2005). Beispielsweise ist Rab25 im Mamma- und Ovarialkarzinomen überexprimiert (Schaner et al., 2003; Sorlie et al., 2003). Rab5a und Rab7 hingegen liegen in Thyroid-assoziierten Adenomen aufreguliert vor (Calvo et al., 2002).

Tabelle 30: Mindestens 10fach unterexprimierte Gene im Osteosarkom verglichen zu HOBc (Muster 2).

ID	cf	Gen
209395_at	123,9	Chitinase 3-like 1 (cartilage glycoprotein-39)
209396_s_at	87,0	Chitinase 3-like 1 (cartilage glycoprotein-39)
205792_at	65,4	WNT1 inducible signaling pathway protein 2
203851_at	37,6	Insulin-like growth factor binding protein 6
218468_s_at	31,8	Cysteine knot superfamily 1, BMP antagonist 1
204948_s_at	27,2	Follistatin
212143_s_at	23,3	Insulin-like growth factor binding protein 3
206157_at	22,6	Pentaxin-related gene, rapidly induced by IL-1 beta
209355_s_at	20,3	Phosphatidic acid phosphatase type 2B
203963_at	20,0	Carbonic anhydrase XII
202949_s_at	19,4	Four and a half LIM domains 2
202912_at	18,0	Adrenomedullin
209687_at	17,6	Stromal cell-derived factor 1
205475_at	16,6	Scrapie responsive protein 1
206172_at	16,0	Interleukin 13 receptor, alpha 2
203939_at	13,4	CD73
205397_x_at	12,2	MAD
202275_at	12,0	Glucose-6-phosphate dehydrogenase
208502_s_at	11,7	Paired-like homeodomain transcription factor 1
221111_at	11,4	Interleukin 26
202434_s_at	11,3	Cytochrome P450
202436_s_at	11,3	Cytochrome P450
207345_at	10,9	Follistatin
205924_at	10,3	RAB3B

cf: *change fold*. ID: Affymetrix-Identität.

4.1.3.3 Muster 3



Von den 442 Genen in diesem Muster konnten 21 Gene mehr als 4fach abreguliert im konventionellen Osteosarkom verglichen zu den Metastasen und HOBc gefunden werden. Drei Gene hatten annotierte RNS-Sequenzen ohne bekannte Proteinfunktion (212670_at, 221870_at, 212097_at) bzw. wurde ein hypothetisches Protein gefunden

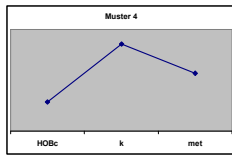
(219054_at). Nachfolgend sind die restlichen 17 Gene aufgelistet (**Tabelle 31**). Diese Gene konnten nur zwei funktionellen Gruppen (Stressantwort $p=0,017$, Antwort auf Stimuli $p=0,028$) zugeordnet werden. Die Gesamtliste von 442 Genen zeigte jedoch mit höchster Signifikanz ($p=4,42E^{-12}$) die Regulation des Zellwachstums, sowie mit $p=3,16E^{-11}$ eine negative Regulation der Zellproliferation. Betrachtet man die molekulare Funktion der Gene, konnten sehr viele Gene der Beteiligung an Ionenbindung zugeordnet werden.

Tabelle 31: Mindestens 4fach differentiell exprimierte Gene im Muster 3.

ID	cf	Gen
211748_x_at	8,1	Prostaglandin D2 synthase
219529_at	8,0	Chloride intracellular channel 3
205200_at	7,0	Tetranectin
203088_at	6,1	Fibulin 5
203751_x_at	5,8	Jun D proto-oncogene
203065_s_at	5,1	Caveolin 1
212187_x_at	5,1	Prostaglandin D2 synthase
203815_at	4,9	Glutathione S-transferase theta 1
201150_s_at	4,7	Tissue inhibitor of metalloproteinase 3
203571_s_at	4,6	Adipose specific 2
200878_at	4,5	Endothelial PAS domain protein 1
212091_s_at	4,4	chains alpha-1, alpha-2, alpha-3 COL6A1 gene
209101_at	4,4	Connective tissue growth factor
202016_at	4,3	Mesoderm specific transcript (mouse) homolog
201189_s_at	4,2	Inositol 1,4,5-triphosphate receptor, type 3
201952_at	4,2	Activated leucocyte cell adhesion molecule
201951_at	4,2	Activated leucocyte cell adhesion molecule

cf: *change fold*. ID: Affymetrix-Identität.

4.1.3.4 Muster 4



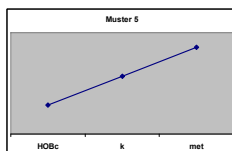
Von den 71 analysierten Genen in diesem Muster konnten 4 Gene mehr als 3fach aufreguliert im konventionellen Osteosarkom verglichen zu den Metastasen und HOBc gefunden werden. Ein Gen hatte eine annotierte RNS-Sequenz ohne bekannte Proteinfunktion (204146_at). Nachfolgend sind die restlichen 3 Gene aufgelistet (**Tabelle 32**). Analysiert man die molekulare Funktion der 71 Gene, erhält man vorwiegend Protein- ($p=6,4E^{-10}$), Transkriptions- ($p=0,025$) und DNS-Bindungs-funktionen ($p=0,025$).

Tabelle 32: Mindestens 3fach differentiell exprimierte Gene im Muster 4.

ID	cf	Gen
209875_s_at	4,4	Secreted phosphoprotein 1 (osteopontin)
203936_s_at	4,0	Matrix metalloproteinase 9
203362_s_at	3,9	MAD2 (mitotic arrest deficient, yeast, homolog)-like 1

cf: change fold. ID: Affymetrix-Identität.

4.1.3.5 Muster 5



Von den 140 analysierten Genen in diesem Muster konnten 12 Gene mehr als 3fach aufreguliert im metastatischen Osteosarkom verglichen zur konventionellen Subgruppe und HOBc gefunden werden. Vier Gene hatten annotierte RNS-Sequenzen ohne bekannte Proteinfunktion (203323_at, 214329_x_at, 213975_s_at, 209047_at). Nachfolgend sind die restlichen 7 Gene aufgelistet (**Tabelle 33**). Insgesamt dominierten in diesem Muster immunregulatorische Prozesse wie

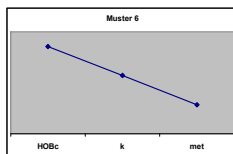
Antigenpräsentation und Antigenprozessierung via MHC Klasse I ($p=5,34E^{-9}$). Weiterhin spielen Prozesse der Regulation der Kinaseaktivität eine große Rolle ($p=3,16E^{-12}$).

Tabelle 33: Mindestens 3fach differentiell exprimierte Gene im Muster 5.

ID	cf	Gen
218723_s_at	5,0	RGC32 protein
202295_s_at	4,3	Cathepsin H
201466_s_at	3,8	V-jun avian sarcoma virus 17 oncogene homolog
204446_s_at	3,8	Arachidonate 5-lipoxygenase
201041_s_at	3,5	Dual specificity phosphatase 1
200795_at	3,3	SPARC-like 1 (mast9, hevin)
217979_at	3,2	Tetraspan NET-6 protein

cf: *change fold*. ID: Affymetrix-Identität.

4.1.3.6 Muster 6



Insgesamt umfasste dieses Muster 639 Gene. 179 davon wurden als mindestens 2fach differentiell exprimierte Gene gefunden, 16 als mindestens 3fach (**Tabelle 34**), die in den metastatischen Osteosarkomen im Vergleich zu HOBc und den konventionellen Osteosarkomen abreguliert vorlagen. Vier Gene hatten annotierte RNS-Sequenzen ohne bekannte Proteinfunktion (214954_at, 200806_s_at, 214173_x_at, 221923_s_at). Ein hypothetisches Protein wurde gefunden (218542_at). Vorwiegend biologische Prozesse der ribosomalen Biosynthese ($p=0,035$) sowie zytoplasmatische Organisation und Biogenese ($p=0,046$) spielen eine statistisch signifikante Rolle.

Tabelle 34: Mindestens 3fach differentiell exprimierte Gene im Muster 6.

ID	cf	Gen
201387_s_at	6,1	Ubiquitin carboxyl-terminal esterase L1
202952_s_at	4,4	A disintegrin and metalloproteinase domain 12
202503_s_at	4,4	KIAA0101 gene product
217771_at	4,4	Golgi phosphoprotein 2
209773_s_at	4,0	Ribonucleotide reductase M2 polypeptide
219837_s_at	3,8	Cytokine-like protein C17
217142_at	3,6	Eukaryotic translation elongation factor 1 alpha 1
219729_at	3,4	Paired related homeobox protein
214452_at	3,2	Branched chain aminotransferase 1, cytosolic
221691_x_at	3,2	Nucleophosmin (nucleolar phosphoprotein B23, numatrin)
202868_s_at	3,0	POP4 (processing of precursor , S. cerevisiae) homolog

cf: *change fold*. ID: Affymetrix-Identität.

4.1.4 Differentielle Expression zwischen konventionellen und metastatischen Osteosarkomen

Zusätzlich zu den Mustern 1-6 wurden noch Gene analysiert, die sich in ihrer Expression zwischen den konventionellen Osteosarkomen und den Metastasen unterscheiden. Der Untersuchung wurden die aus **Kapitel 4.1.2** differentiell exprimierten Gene innerhalb der Gruppen HOBc, konventionelle und metastatische Osteosarkome zu Grunde gelegt (n=5.277). Die Kontrollgruppe HOBc wurde für die anschließende Analyse herausgenommen, da nur Unterschiede zwischen den konventionellen und den metastatischen Osteosarkomen betrachtet werden sollten. Bedingung war, dass alle Gene der Gruppe der konventionellen sowie die Gene der metastatischen Osteosarkome untereinander homogen sind, jedoch zwischen beiden Gruppen eine statistische Signifikanz in der differentiellen Regulation von $p < 0,05$ besteht. Es konnten 1.789 Gene als signifikant auf- bzw. abreguliert in den beiden Subgruppen gefunden werden. Die funktionelle DAVID-Analyse der 1.789 Gene ergab bei 1.439 detektierten DAVID-Identitäten hauptsächlich die Beteiligung an RNS- ($p=1,22E^{-29}$) sowie Protein-Bindungsprozessen ($p=8,00E^{-20}$). Ein signifikant aufreguliertes Gen in den Metastasen verglichen zu den konventionellen

Osteosarkomen war CD52 ($p=0,000619$). Da CD52 auch in der Microarray Analyse der Riesenzelltumore (**Kapitel 5**) als differentiell exprimiert gefunden wurde, wird dieses Antigen ausführlich im **Kapitel 6** analysiert. Die 25 am stärksten regulierten Gene sind in **Tabelle 35** aufgelistet. Hier fällt auf, dass v. a. Gene, die im Bezug zur Lungenfunktion zu sehen sind (Bsp. Surfactant-Bildung), in den Metastasen verglichen zur konventionellen Gruppe aufreguliert vorliegen. Dies ist nicht verwunderlich, da es sich bei den Metastasen um Lungengewebe handelt. Die weiteren Gene konnten mittels DAVID nur einem Cluster (bei niedriger Stringenz) zugeordnet werden. Dieses umfasste 8 Gene (200064_at, 207134_x_at/216474_x_at, 210084_x_at/216474_x_at, 200080_s_at, 200034_s_at, 202690_s_at, 217408_at und 201406_at) die im biologischen Prozess des Makromolekül-Metabolismus beteiligt sind ($p=3,4E^{-4}$).

Tabelle 35: Die 25 am stärksten differentiell exprimierten Gene zwischen konventionellen und metastatischen Osteosarkomen.

ID	p-Wert	Gen
38691_s_at	0,000000003	Pulmonary surfactant protein (SP5) precursor; complete cds
209810_at	0,000000060	Surfactant, pulmonary-associated protein B
218835_at	0,000000654	Surfactant, pulmonary-associated protein A2
201406_at	0,000002040	Ribosomal protein L44
214387_x_at	0,000002340	Pulmonary surfactant-associated protein C precursor; mRNA sequence
37004_at	0,000006980	Human pulmonary surfactant-associated protein B (SP-B) mRNA, complete cds
205982_x_at	0,000006980	Surfactant, pulmonary-associated protein C
211735_x_at	0,000006980	Surfactant, pulmonary-associated protein C
202833_s_at	0,000007280	Serine (or cysteine) proteinase inhibitor, member 1
200064_at	0,000014300	Heat shock 90kD protein 1, beta
210084_x_at	0,000021400	Tryptase, alpha
200681_at	0,000022800	Glyoxalase I
201952_at	0,000022800	Activated leucocyte cell adhesion molecule
216342_x_at	0,000030300	Human DNA sequence from clone RP1-189G13
200034_s_at	0,000043100	Ribosomal protein L6 (RPL6)
218768_at	0,000055000	Nuclear pore complex protein
217408_at	0,000056500	Mitochondrial ribosomal protein S18B
213693_s_at	0,000066600	Mucin 1 precursor; mRNA sequence.
200080_s_at	0,000067600	Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3850432

ID	p-Wert	Gen
216474_x_at	0,000068500	Tryptase beta 1
207134_x_at	0,000068500	Tryptase beta 2
202690_s_at	0,000078400	Small nuclear ribonucleoprotein D1 polypeptide
211429_s_at	0,000078400	Serine (or cysteine) proteinase inhibitor, member 1
212473_s_at	0,000102000	Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3886131
218622_at	0,000102000	Hypothetical protein MGC5585

ID: Affymetrix-Identität.

4.2 Expression von Ephrinen im Osteosarkom

In der vorangegangenen Microarray Untersuchung konnten einige Ephrine sowie Ephrin Rezeptoren als differentiell exprimiert zwischen Kontrolle und Osteosarkomen gefunden werden. *EFNA1*, *EphA2* und *EphA3* wurden als aufreguliert zwischen HOBc, konventionellen und metastatischen Typen detektiert (4.1.2). Nach der Musterbildung konnten *EFNA1* (13fach) und *EphB2* (2fach) als überexprimierte Gene im Osteosarkom verglichen zur Normalkontrolle detektiert werden (4.1.3.1). Interessanterweise waren dies die einzigen Ephrine, die wir in den Listen der Muster 1-6 finden konnten. Dies beruhte auf der Tatsache, dass während der Musterbildung sehr strenge Kriterien benutzt wurden. V. a. die Bedingung, dass die gesuchten Antigene in allen Proben der konventionellen bzw. metastatischen Osteosarkome „anwesend“ sein mussten, führte zum Ausschluss vieler Ephrine. Speziell *EphA2* konnte im Osteosarkom verglichen zur Kontrolle trotz seiner starken Überexprimierung in keinem der analysierten Muster 1-6 entdeckt werden. Daher wurden die 11 Probensets, die für *EphA2* auf dem Affymetrix Chip vorhanden sind, einzeln auf ihre Signale hin untersucht (Abbildung 10). So erkennt man, ob die eingesetzte RNS gut an die Affymetrix Sonde bindet, oder nicht. Ist der Balken für „Mismatch“ (grün) höher als der für „Match“ (rot), konnte die RNS der Probe nicht an die 25mer-lange Sonde auf dem Chip binden. Dies wird zusätzlich durch die höheren Zahlenwerte auf den Balken der *Mismatch*-Proben gegenüber den *Match*-Proben deutlich. Im Gegensatz dazu bedeuten höhere rote Balken gegenüber den grünen *Mismatch*-Balken eine gute Bindung der RNS an die Sonde. Exemplarisch wurden die Osteosarkome OS1 und OS11 zur Analyse herangezogen. *EphA2* konnte

in beiden Replikaten von OS1 auf Grund seiner geringen Expression nur als „abwesend“ gewertet werden ($p=0,27$). 6/11 Sonden (Nr. 1, 5, 8-11) zeigten eine gute RNS-Sonden-Bindung, während in 5/11 Sonden (Nr. 2, 3, 4, 6 und 7) keine Bindung der RNS festgestellt werden konnte. Verglichen wurde die Bindung von OS1 mit OS11, wo *EphA2* hohe Expressionswerte aufwies und somit signifikant als „anwesend“ gewertet wurde ($p=0,005$). In diesem Fall konnte bei 9/11 Sonden eine hohe Bindung der RNS an die EphA2-Sonde festgestellt werden. Nur bei Sonde Nummer 2 und 6 wurde eine schlechte Bindung detektiert. Auch bei Probe OS11 stimmten beide analysierten Replikate in ihrer Bindungsfähigkeit überein. Auf Grund der Tatsache, dass EphA2 in einer Probe (OS1) als „abwesend“ gewertet und somit keine differentielle Expression laut Bedingungen der Musterbildung (Tabelle 27) zwischen HOBC, konventionellen und metastatischen Osteosarkomen vorlag, konnte dieses Ephrin in keinem der Listen der Muster 1-6 detektiert werden.

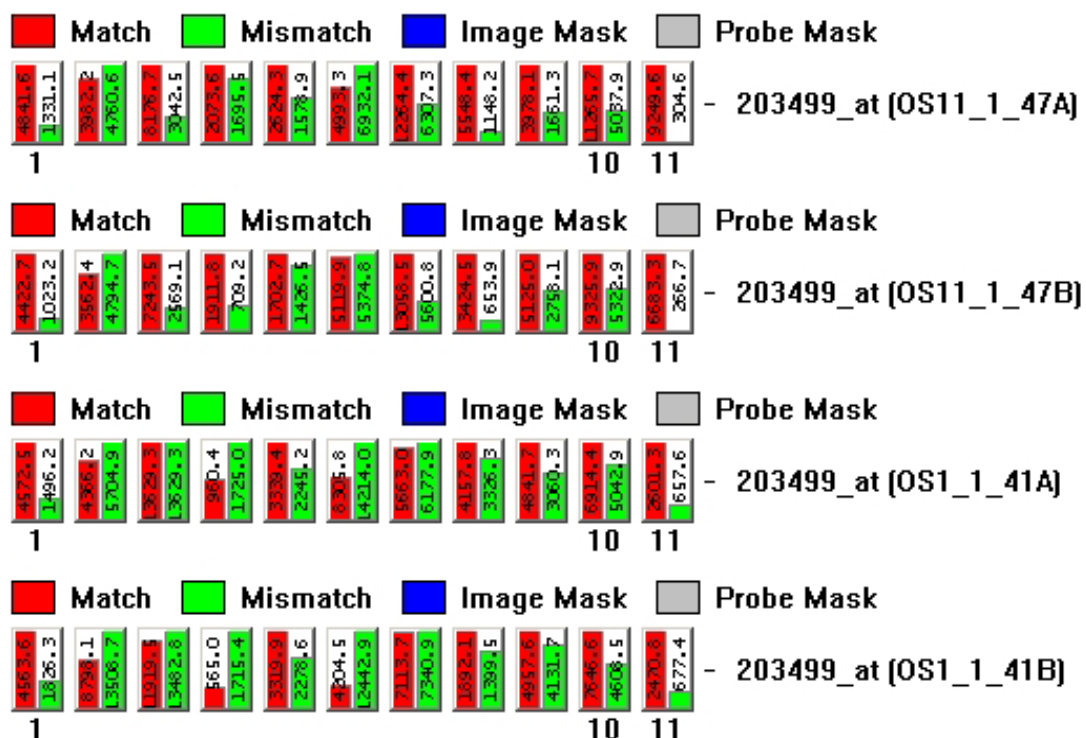


Abbildung 10: EphA2-Sonden auf HG U133A.

Exemplarisch wird die Bindung der RNS an n=11 Affymetrix-Sonden von OS1 und OS11 verglichen.

Ein generelles Expressionsprofil der Ephrinfamilie mittels Microarray Analyse wurde bisher noch nicht in Osteosarkom-Geweben erstellt. Auf Grund dessen wurden die Expressionswerte aller auf dem HG U133A Affymetrix-Chip vorhandenen Ephrine sowie deren Rezeptoren untersucht. Von den 22.283 Genen auf dem Chip gab es fünf EFNA- (EFNA1-5), sechs EphA- (EphA1-5, EphA7), drei EFNB- (EFNB1-3) und fünf EphB- (EphB1-4, EphB6) Datensätze. Ein Expressionsniveau unter 1.000 wurde als Hintergrund gewertet. **Tabelle 36** zeigt die Zusammenfassung der Expressionsdaten. (Die einzelnen Werte aller Ephrine in jeder Probe siehe **Anhang Tabelle 57**).

Tabelle 36: Ephrin-Expression in Osteosarkom-Geweben (n=8) verglichen mit HOBc.

Relative Expressionswerte	A-Ligand	A-Rezeptor	B-Ligand	B-Rezeptor
signifikant (>1000)	EFNA1 (HOBc unter 1.000, 8/8 OS über 1.000)*	EphA1 (1/8 OS über 1.000, HOBc unter 1.000)*	EFNB2 (alle Proben über 1.000)	EphB2 (HOBc unter 1.000, 8/8 OS über 1.000)
	EFNA4 (1/8 OS über 1.000, HOBc unter 1.000)	EphA2 (alle Proben über 1.000)*		EphB3 (HOBc und 2/8 OS unter 1.000)
		EphA3 (HOBc und 1/8 OS unter 1.000)		EphB4 (alle Proben über 1.000)
		EphA4 (1/8 OS über 1.000, HOBc unter 1.000)		EphB6 (5/8 OS über 1.000)
		EphA5 (1/8 OS über 1.000, HOBc unter 1.000)		
nicht signifikant (<1000)	EFNA2 (alle Proben unter 1.000)*	EphA7 (alle Proben unter 1.000)	EFNB1 (alle Proben unter 1.000)*	EphB1 (alle Proben unter 1.000)
	EFNA3 (alle Proben unter 1.000)		EFNB3 (alle Proben unter 1.000)*	
	EFNA5 (alle Proben unter 1.000)			

Es wurden jeweils die Mittelwerte der Replikate errechnet und eingesetzt. Weiterhin wurde angegeben, wie viele Osteosarkome eine Expression über dem Hintergrund aufwiesen. * Diese Ephrine wurden zusätzlich mittels RT-PCR analysiert. OS: Osteosarkom.

Der Ligand *EFNA1* sowie die Rezeptoren *EphA2* und *EphA3* zeigten eine geringe Expression in HOBc verglichen zu den Osteosarkom-Geweben. Innerhalb der Osteosarkome konnte jedoch kein signifikanter Unterschied zwischen

konventionellen und metastatischen Typen festgestellt werden. *EFNA4*, *EphA1*, *EphA4* und *EphA5* lagen in nur einer von 8 Osteosarkom-Proben über dem Hintergrund. Für diese Ephrine konnte in HOBc keine Expression über 1.000 nachgewiesen werden. *EFNA2*, *EFNA3*, *EFNA5* und *EphA7* waren für alle analysierten Proben nur auf Hintergrundniveau nachweisbar. Das gleiche galt für die B-Klassen Ephrine *EFNB1*, *EFNB3* und *EphB1*. Hingegen zeigte *EFNB2* eine sehr starke Expression in den Osteosarkomen verglichen zur Normalkontrolle, wobei auch für HOBc ein Wert über 1.000 nachweisbar war. Die restlichen EphB-Rezeptoren wiesen in den Osteosarkomen Expressionen über 1.000, jedoch mit Ausnahme von *EphB4* in HOBc Werte unter 1.000 auf (*EphB3* in 6/8 und *EphB6* in 5/8 Osteosarkom-Geweben).

4.2.1 Validierung des Ephrin Expressionsprofils

4.2.1.1 mRNS-Expression

Im weiteren Verlauf wurden die Ephrine *EFNA1*, *EFNA2*, *EphA1*, *EphA2*, *EFNB1* und *EFNB3* mittels RT-PCR zusätzlich zur Microarray Analyse auf ihre RNS-Expression hin untersucht (**Abbildung 11**). Dabei wurden die gleichen RNS-Proben wie für die Array-Hybridisierung verwendet. Die mRNS von *EFNA1* und *EphA2* zeigten eine stärkere Expression in den meisten Osteosarkom-Geweben verglichen zu HOBc. Innerhalb der Subgruppen konventionell und metastatisch konnte kein Unterschied im mRNS-Niveau festgestellt werden. *EphA1* wurde nur in den metastatischen Geweben gefunden. Die *EphA1*-Expressionswerte von HOBc und den konventionellen Osteosarkomen lagen auf dem Array im Hintergrund. Für *EFNA2* detektierten wir auf dem Array alle Proben im Hintergrund. Mittels RT-PCR konnte festgestellt werden, dass einerseits die mRNS (exklusive HOBc und OS11) vorhanden war und es zweitens Unterschiede in der Expression gab. Auch die auf dem Array im Hintergrund detektierten Gene *EFNB1* und *EFNB3* zeigten mittels RT-PCR eine mRNS-Expression.

Zusammenfassend muss festgestellt werden, dass die RT-PCR-Daten nur teilweise mit den Affymetrix-Daten korrelierten. Dies beruht wahrscheinlich auf der höheren Sensitivität der RT-PCR Analyse gegenüber der Array-Hybridisierung. Weiterhin wurden in der RT-PCR Analyse unterschiedliche Primer gegenüber den eingesetzten Sonden auf dem Chip verwendet. Für die im Hintergrund liegenden Ephrine *EFNA2*, *EFNB1* und *EFNB3* konnte trotz der schlechten Expression im Array eine mRNS-Expression mittels RT-PCR detektiert werden. Auffällig war die gute Korrelation von *EphA1* im Array und in der RT-PCR, da hier eine mRNS Expression nur in den Metastasen festgestellt werden konnte.

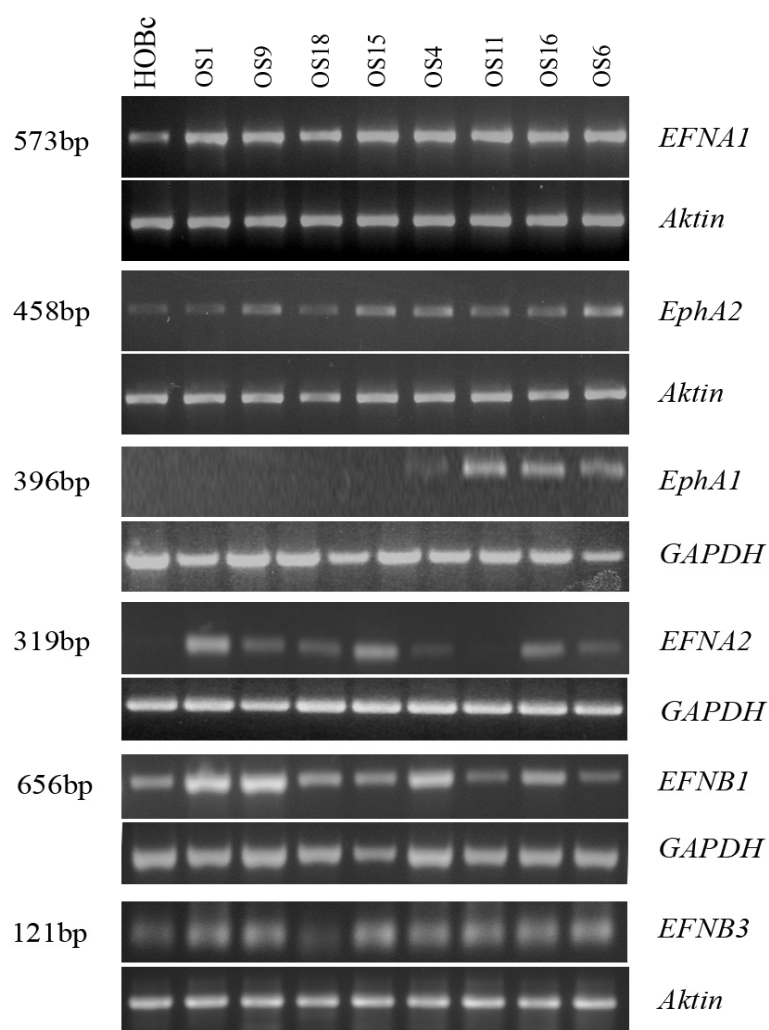


Abbildung 11: RT-PCR der Ephrine *EFNA1*, *EFNA2*, *EphA1*, *EphA2*, *EFNB1* und *EFNB3*.

Analysiert wurden n=8 Osteosarkome verglichen zu HOBc. Als Ladekontrolle wurde sowohl *Aktin* als auch *GAPDH* verwendet.

4.2.1.2 Protein-Expression

Um die Microarray Daten und die mRNS-Expressionen auf Protein-Ebene zu validieren, wurden die Ephrine EFNA1, EFNA2, EphA2, EFNB1 und EFNB3 immunhistochemisch untersucht. EphA1 konnte nicht weiter analysiert werden, da nicht mehr ausreichend Gewebematerial zur Verfügung stand. Für jedes Antigen wurden 17 Osteosarkom Paraffinschnitte gefärbt. Die Schnitte wurden mittels des IRS-Scores bewertet, um signifikante Unterschiede innerhalb der Osteosarkom-Proben und für EFNA1 und EphA2 zusätzlich zwischen Osteosarkom und den nicht-neoplastischen Knochengewebe festzustellen.

EFNA1 und *EphA2* zeigten in der Microarray Analyse sowie mittels RT-PCR eine sehr starke Expression in den Osteosarkom-Gewebe verglichen mit HOBc. Da es sich bei HOBc um eine Zelllinie handelt, die nicht komplett die *in vivo* Situation widerspiegelt, sollte mittels immunhistochemischer Färbung zusätzlich nicht-neoplastisches Knochengewebe als Gewebekontrolle zu HOBc auf die EFNA1- und EphA2-Expression hin analysiert werden. Dazu verwendeten wir ein Knochen *Tissue Microarray* (TMA) mit n=4 fötalen und n=6 adulten Proben. Die Microarray- und RT-PCR-Daten konnten durch immunhistochemische Färbung beider Antigene bestätigt werden (**Tabelle 37**). Eine EFNA1-Expression wurde in fötalen und adulten Osteozyten, Osteoblasten und Osteoklasten des Knochen *Tissue Microarray* in 7/8 Fällen nachgewiesen (Fehler! Verweisquelle konnte nicht gefunden werden.**A**). Weiterhin wurde das EFNA1-Protein in allen Osteosarkom-Proben detektiert (Fehler! Verweisquelle konnte nicht gefunden werden.**B, C**). Nahezu 80% aller Tumorzellen waren positiv auf EFNA1 (PP 3,6). Zwischen den metastatischen und konventionellen Subtypen konnte kein signifikanter Unterschied festgestellt werden ($p=0,669$). Hingegen wurde die deutliche Aufregulation von EFNA1 im Osteosarkom verglichen mit Knochen bestätigt ($p=0,001$). Die Immunreaktivität zeigte sich verteilt auf das Zytoplasma und die Membran der Tumorzellen. In einigen Fällen (5/17) wurde zusätzlich eine nukleäre Lokalisation festgestellt (Fehler! Verweisquelle konnte nicht gefunden werden.**C**).

Im Gegensatz zum EFNA1-Liganden konnte für EphA2 in den fötalen sowie adulten Knochen kein Protein detektiert werden (Fehler! Verweisquelle konnte nicht gefunden werden.D). Eine Expression zeigte sich jedoch in 13/17 Osteosarkom-Proben (Fehler! Verweisquelle konnte nicht gefunden werden.E, F). Auffällig war der hohe Anteil an positiven Tumorosteoblasten (Fehler! Verweisquelle konnte nicht gefunden werden.F). Auch für EphA2 konnte kein signifikanter Unterschied innerhalb der Osteosarkom Subtypen festgestellt werden ($p=0,962$). Jedoch wurde eine signifikante Aufregulation in den Osteosarkom-Geweben verglichen mit nicht-neoplastischen Knochen detektiert.

Tabelle 37: Immunhistochemische Analyse von EFNA1 und EphA2 anhand eines Knochen Tissue Microarray sowie Osteosarkom Paraffingewebe.

		EFNA1				EphA2			
			PP	SI	IRS		PP	SI	IRS
Knochen	fötal	2/3 (67%)	1,7	1,0	2,7	0/4 (0%)	0,0	0,0	0,0
	adult	5/5 (100%)	2,4	1,4	3,6	0/6 (0%)	0,0	0,0	0,0
	total	7/8 (88%)	2,1	1,3	3,3	0/10 (0%)	0,0	0,0	0,0
Osteosarkom	k	10/10 (100%)	3,8	2,6	10,1	8/10 (80%)	1,8	1,0	2,4
	met	7/7 (100%)	3,3	2,6	9,1	5/7 (71%)	1,3	1,3	2,6
	total	17/17 (100%)	3,6	2,6	9,7	13/17 (76%)	1,6	1,1	2,5

Die Auswertung erfolgte mittels des Immunreaktiven-Scores (IRS) des gesamten Schnittes. k: konventionelles Osteosarkom. met: Osteosarkom-Metastase. PP: Anzahl an positiven Zellen. SI: Intensität der positiv gefärbten Zellen. Von IRS, PP und SI wurden jeweils die Mittelwerte errechnet.

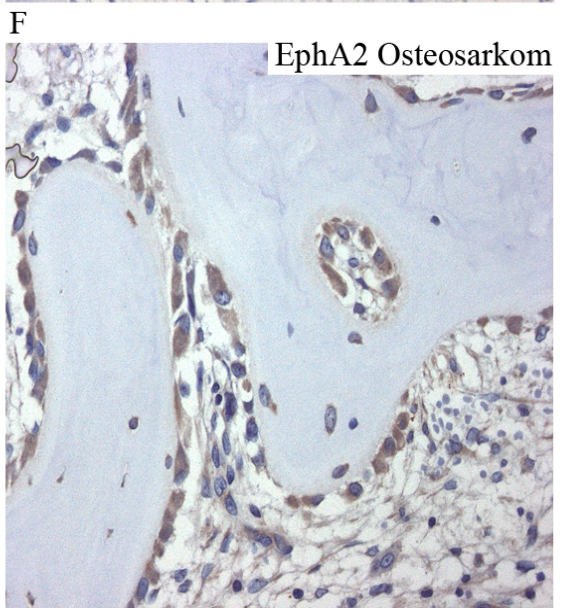
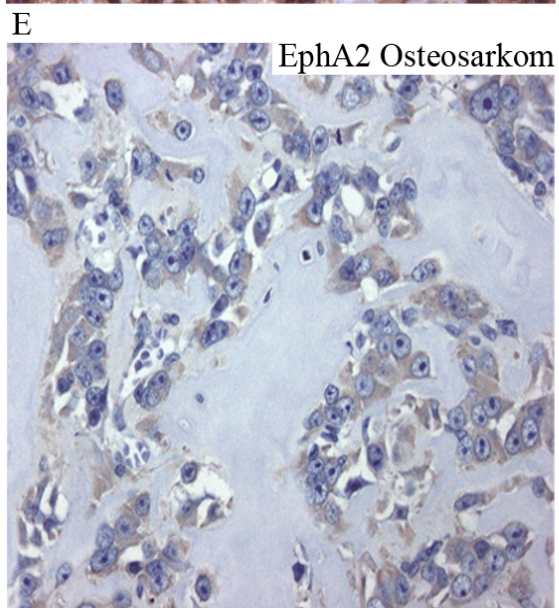
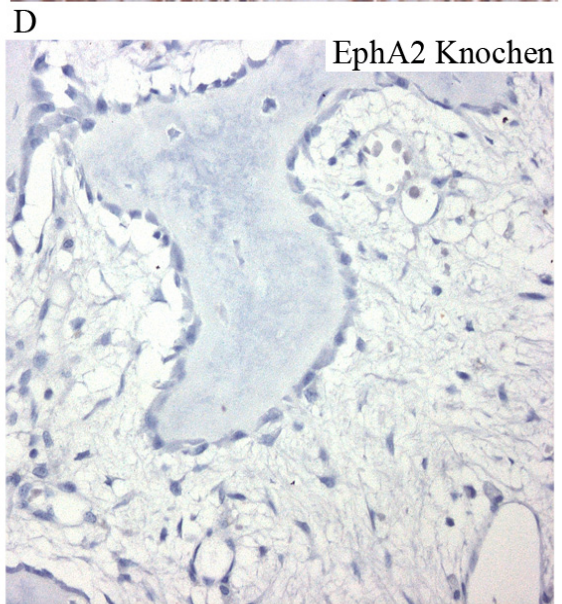
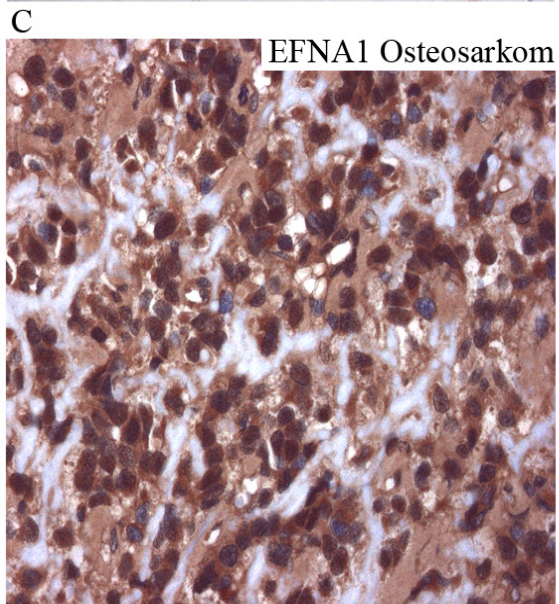
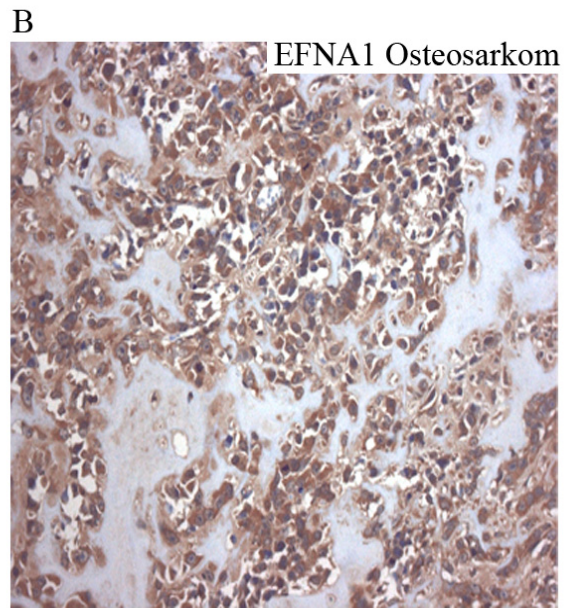
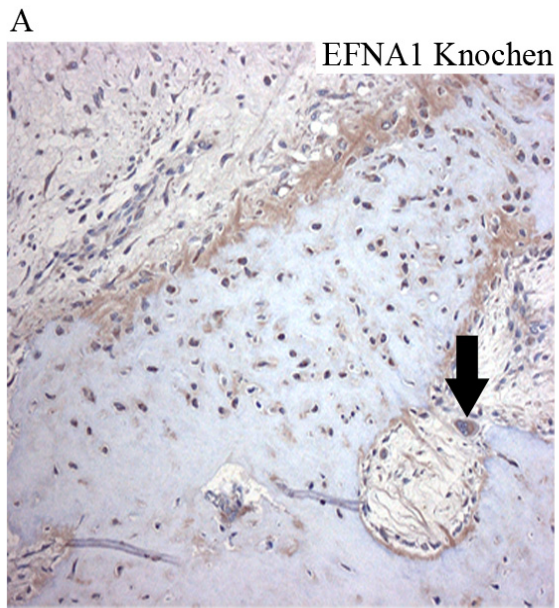


Abbildung 12: A-D: EFNA1 und EphA2 Protein-Expression im Knochen- und Osteosarkom Paraffingewebe.

A: EFNA1-Expression im normalen Knochen. Osteozyten, Osteoblasten und Osteoklasten (Pfeil) sind EFNA1 positiv. 200fach vergrößert. **B:** EFNA1-Expression im Osteosarkom. 200fach vergrößert. **C:** In einigen Osteosarkom-Geweben konnte eine nukleäre Expression von EFNA1 detektiert werden. 400fach vergrößert. **D:** Keine EphA2-Expression im normalen Knochen. 400fach vergrößert. **E:** EphA2-Expression im Osteosarkom. 400fach vergrößert. **F:** Positive Tumorosteoblasten im Osteosarkom. 400fach vergrößert.

Die immunhistochemische Analyse bestätigte für EFNA2, EFNB1 und EFNB3, dass trotz der geringen Expression auf dem Array eine Translation des Proteins im Osteosarkom stattfindet (**Tabelle 38**). Für EFNA2 (**Abbildung 13A, B**) und EFNB3 (**Abbildung 13E, F**) konnte kein signifikanter Unterschied zwischen den konventionellen und metastatischen Subtypen detektiert werden ($p_{\text{EFNA2}}=0,100$, $p_{\text{EFNB3}}=0,575$). Jedoch wiesen beide Antigene mit mittlerer Farbintensität ($SI_{\text{EFNA2}} 2,1$, $SI_{\text{EFNB3}} 2,0$) bei 50-75% der Tumorzellen ($PP_{\text{EFNA2}} 3,1$, $PP_{\text{EFNB3}} 2,8$) eine Expression auf. Bei EFNA2 und EFNB3 konnte auch eine Expression in den Tumorgefäßen detektiert werden (**Abbildung 13B, F**). Rund 75% der Tumorzellen ($PP 2,7$) zeigten eine Expression von EFNB1 mit mittlerer bis starker Farbintensität ($SI 2,4$). Im Vergleich zu den konventionellen Osteosarkomen (**Abbildung 13C**) konnte eine signifikante Abregulierung des Proteins in den Metastasen festgestellt werden ($p=0,005$, **Abbildung 13D**). Alle drei untersuchten Ephrine wiesen eine zytoplasmatische Expression auf.

Tabelle 38: Immunhistochemische Analyse von EFNA2, EFNB1 und EFNB3 anhand von Osteosarkom Paraffingewebe..

		Konventionell	Metastase	Total
EFNA2	Gesamt	9/10 (90%)	7/7 (100%)	16/17 (94%)
	PP	3,3	2,9	3,1
	SI	2,1	2,1	2,1
	IRS	7,9	6,1	7,2
EFNB1	Gesamt	10/10 (100%)	7/7 (100%)	17/17 (100%)
	PP	3,0	2,1	2,7
	SI	2,7	1,9	2,4
	IRS	8,1	4,3	6,5
EFNB3	Gesamt	9/10 (90%)	6/7 (86%)	15/17 (88%)
	PP	3,0	2,4	2,8
	SI	2,0	2,0	2,0
	IRS	6,9	5,7	6,4

Die Auswertung erfolgte mittels des Immunreaktiven-Scores (IRS) des gesamten Schnittes. PP: Anzahl an positiven Zellen. SI: Intensität der positiv gefärbten Zellen. Von IRS, PP und SI wurden jeweils die Mittelwerte errechnet

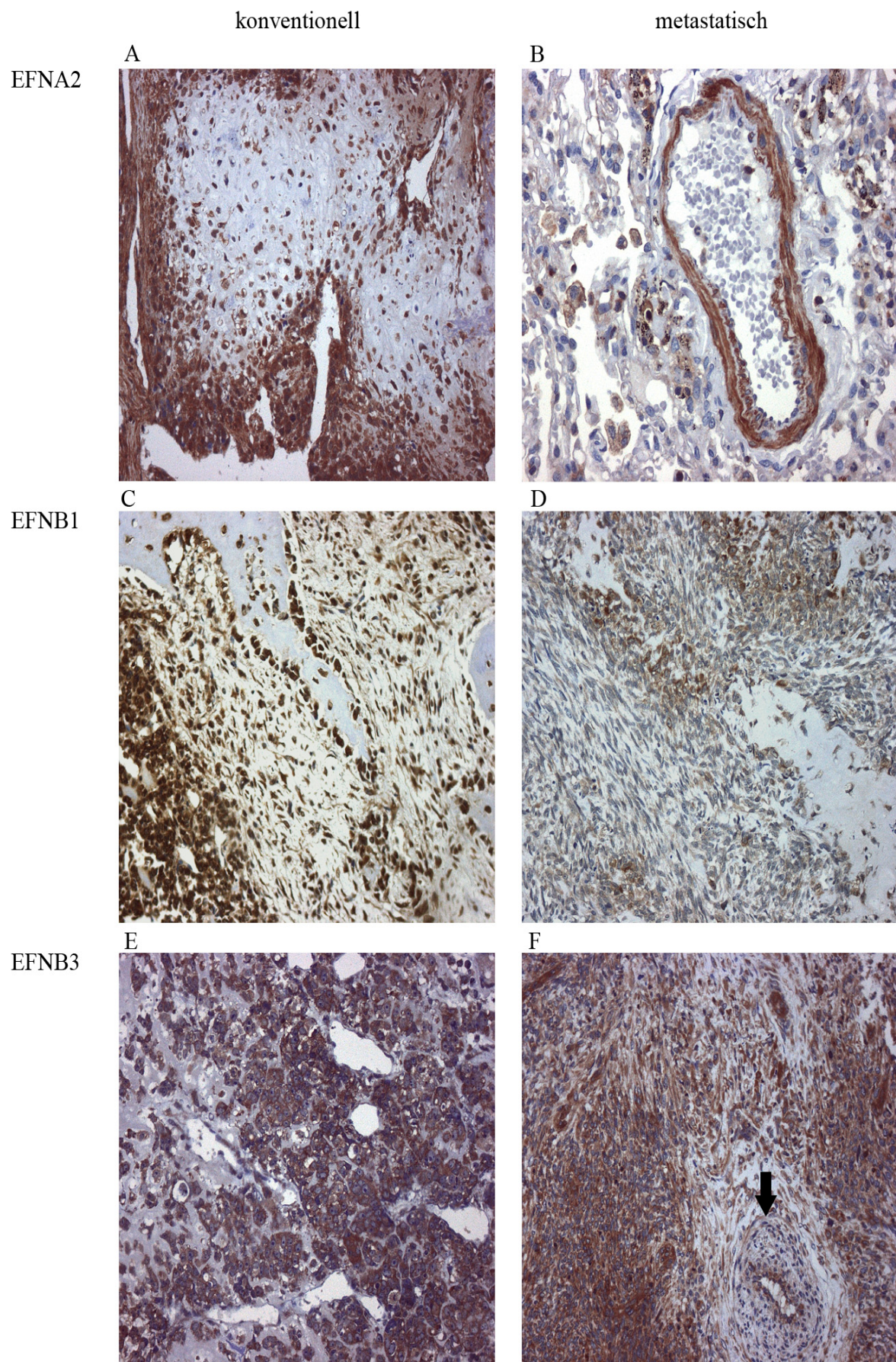


Abbildung 13: A-E: EFNA2, EFNB1 und EFNB3 Protein-Expression im Osteosarkom Paraffingewebe.

A: EFNA2-Expression im konventionellen Osteosarkom. 200fach vergrößert. **B:** EFNA2-Expression in Gefäßen eines metastatischen Osteosarkoms. 200fach vergrößert. **C:** EFNB1-Expression im konventionellen Osteosarkom. Eine starke Expression in den Tumorosteoblasten ist sichtbar. 200fach vergrößert. **D:** Reduzierte EFNB1-Expression im metastatischen Osteosarkom verglichen zum konventionellen Subtyp. 200fach vergrößert. **E:** EFNB3-Expression im konventionellen Osteosarkom. 200fach vergrößert. **F:** EFNB3-Expression im metastatischen Osteosarkom. Positive Gefäße sind sichtbar (Pfeil). 200fach vergrößert.

4.2.2 EFNA1 und EphA2 in Osteosarkom-Zelllinien

Im Prinzip kann jeder A-Ligand an jeden A-Klasse-Rezeptor binden. An den EphA2-Rezeptor bindet mit höchster Affinität EFNA3, gefolgt von EFNA1, EFNA5 und EFNA4 (Bartley et al., 1994; Pasquale, 1997). In der Array Analyse zeigte *EFNA3* keine signifikante Expression und wurde daher nicht weiter analysiert. EphA2 und EFNA1 hingegen wiesen sowohl auf mRNA-Niveau als auch auf Protein-Ebene eine starke Expression sowie eine Überexpression in den Osteosarkom-Geweben verglichen zur Normalkontrolle auf. Daher wurden diese beiden Antigene weiter untersucht, da ihre Überexpression sowie Interaktion vermutlich eine Rolle in der Tumorgenese von Osteosarkomen spielt.

4.2.2.1 Aufregulation von EFNA1 und EphA2 im Osteosarkom

Um EFNA1 und EphA2 funktionell zu untersuchen, wurden beide Antigene mittels RT-PCR und intrazellulärer Durchflusszytometrie validiert. Die mRNA der Gene *EFNA1* und *EphA2* zeigten innerhalb der analysierten Zelllinien keine differentielle Expression (**Abbildung 14**). Im Gegensatz zur mRNA Analyse wiesen die Osteosarkom-Zellen deutliche Unterschiede in der Protein-Expression von EFNA1 und EphA2 auf (**Abbildung 15**). Der höchste EFNA1-Wert konnte für OST (schwarz) festgestellt werden. Eine sehr niedrige Proteinfärbung wurde für HOS (rot) detektiert. Das höchste EphA2-Protein-Niveau wurde in den SaOS2-Zellen (blau) gemessen, hingegen zeigten HOS (rot), OST (schwarz) und MG63 (gelb) eine geringe

Expression. Die Zellen SJSA (lila), MNNG/HOS (hellblau) und ZK58 (grün) lagen vom EphA2Protein-Wert dazwischen. Die unterschiedlichen Werte für EphA2 sind möglicherweise abhängig vom Malignitätsgrad der Zellen, da geringgradig maligne Zellen (HOS) weniger EphA2 exprimieren als ihre aggressiven Gegenstücke (MNNG/HOS, SaOS2). (Siehe dazu auch Zellcharakterisierung **Kapitel 4.2.2.2.**) Für die weiteren analysierten Zellen standen keine ausreichenden Informationen über Kultivierung, Abstammung sowie Malignität zu Verfügung.

Die Expression von EphA2 und EFNA1 in HOBc wurde mittels Western blot bestimmt, da die benötigte Zellzahl für die Durchflusszytometrie von HOBc nicht erreicht werden konnte. **Abbildung 16** zeigt die Bestätigung der Array- und RT-PCR Daten. Im Vergleich zu HOS Osteosarkom-Zellen konnte nur eine sehr geringe Protein-Expression von EphA2 und EFNA1 in HOBc nachgewiesen werden.

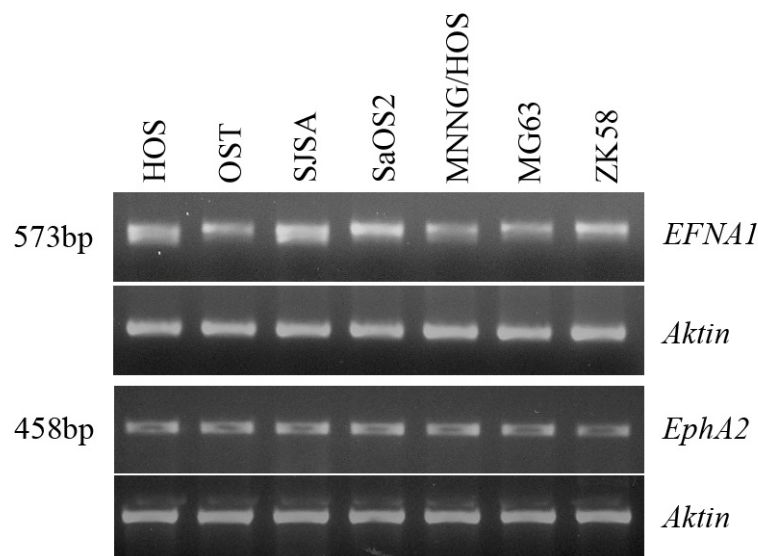


Abbildung 14: RT-PCR von EFNA1 und EphA2 in n=7 Osteosarkom-Zelllinien.

Aktin diente als Ladekontrolle.

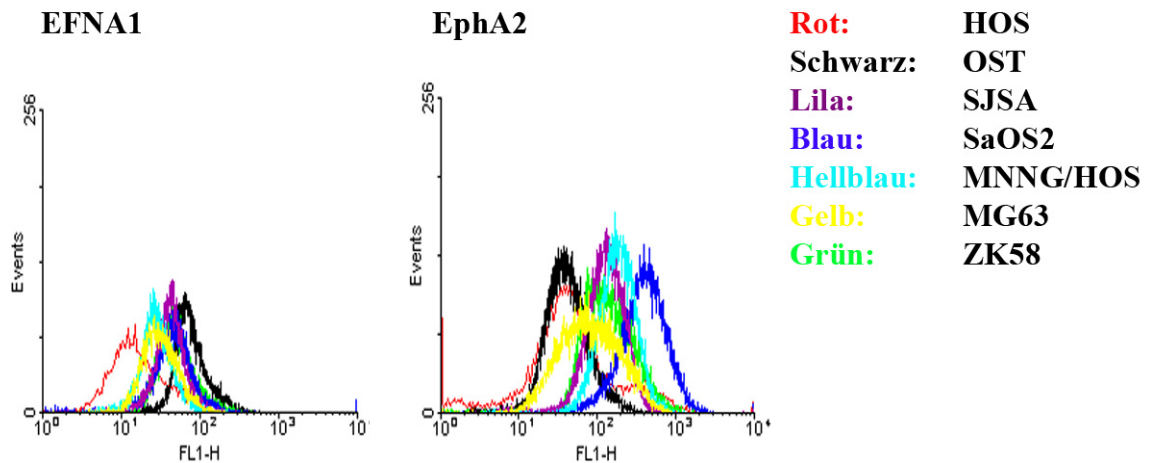


Abbildung 15: Intrazelluläre Durchflusszytometrie der Antigene EFNA1 und EphA2 in n=7 Osteosarkom-Zelllinien.

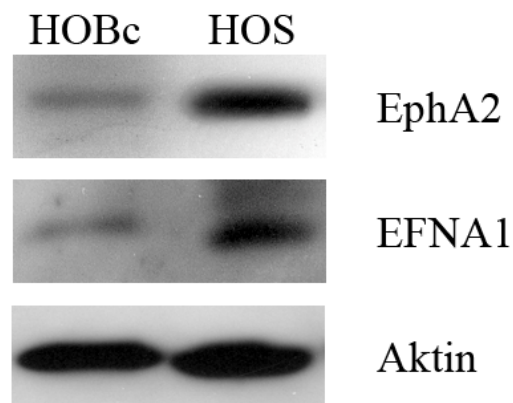


Abbildung 16: Expression von EphA2 und EFNA1 mittels Western blot.

Aktin diente als Ladekontrolle.

4.2.2.2 Charakteristika der Osteosarkom-Zelllinien

Für alle weiteren Experimente wurden die drei Zelllinien HOS, MNNG/HOS und SaOS2 benutzt, welche nachfolgend kurz charakterisiert werden.

4.2.2.2.1 HOS (TE-58)

Die von McAllister *et al.* 1971 etablierte Zelllinie wurde aus dem Osteosarkom einer 13 Jahre alten Patientin kultiviert. HOS Zellen haben einen hochdifferenzierten osteoblastischen Phänotyp und die Eigenschaften von malignen Zellen (McAllister *et al.*, 1971; McAllister *et al.*, 1971). Ähnlich den Osteosarkom-Gewebszellen sind HOS Zellen polygonal und fusiform, aneuploid und wachsen selbst unter geringem Serumeinfluss zu hohen Passagen heran. Sind die Zellen stark konfluent, erscheint ihre Morphologie rund bis kubisch und die Anzahl an toten Zellen im Überstand steigt an. Das Wachstum ist unabhängig von Zell-Zell-Kontakt und Matrixsynthese (Siggelkow *et al.*, 1998). Daher formt HOS Kolonien in Soft-Agar, ist aber nicht tumorigen in nackten Mäusen (McAllister *et al.*, 1971; McAllister *et al.*, 1975; Rhim *et al.*, 1977). Weiterhin weisen die Zellen eine geringe fibrinolytische Aktivität auf. Diese, und das Wachstum in Soft-Agar, sind mit dem Grad der Malignität einiger Zellen assoziiert. Die geringe fibrinolytische Aktivität könnte eine Erklärung für das Fehlen der Tumorigenität von HOS *in vivo* sein (Freedman und Shin, 1974; Laug *et al.*, 1975; McAllister und Reed, 1968; Ossowski *et al.*, 1973; Shin *et al.*, 1975). Es konnte keine Synthese von Osteokalzin (Mahonen *et al.* 1990), jedoch von Osteopontin, Alpha(I)-Prokollagen und eine alkalische Phosphatase-Aktivität sowie eine cMyc-Expression nachgewiesen werden (Siggelkow *et al.*, 1998). HOS weist eine Mutation in p53 (*Tumor Protein 53*) und CDKN2A (*Cyclin-dependent Kinase 2A*) auf.

4.2.2.2.2 MNNG/HOS

MNNG/HOS ist eine mittels N'-Nitro-N-Nitrosoguanidin (MNNG) transformierte Zelllinie abstammend von HOS (Rhim *et al.*, 1977). MNNG führt zur Aktivierung des *Met*-Onkogens, welches eine Rezeptor-Tyrosinkinase für den Liganden HGF (*Hepatocyte Growth Factor*) kodiert. Diese aktiviert den PI3K- und Mek-Signalweg. MNNG/HOS bildet somit ein malignes Gegenstück zu HOS. Die Zellen wachsen als Aggregate, formen große Kolonien in Agar und sind in nackten Mäusen tumorigen (Rhim *et al.*, 1977).

4.2.2.2.3 SaOS2

Diese von *Ponten und Saksela* 1967 etablierte Zelllinie stammt von dem Osteosarkom eines 11 Jahre alten Mädchens ab (Ponten und Saksela, 1967). Sie besitzt osteoblastische Eigenschaften und kann mineralisierte Knoten *in vitro* bilden (Taichman und Emerson, 1996; Yu et al., 2004). Die parentale Zelllinie ist zwar gering tumorigen, bildet aber Metastasen, wenn sie in nackte Mäuse injiziert wird (Jia et al., 1999; Worth et al., 2002). Die daraus resultierenden Zelllinien (Bsp. SaOS2-LM6) haben ein hohes metastatisches Potential. SaOS2 Zellen exprimieren BMP1-7 (*Bone Morphogenetic Protein*), EGFR (*Epidermal Growth Factor Receptor*), IGF-1R (*Insulin-like Growth Factor 1 Receptor*), MMP2 (*Matrix Metalloproteinase 2*), cMet und VEGF (*Vascular Endothelial Growth Factor*). Weiterhin konnte eine Expression von CD44, CD51, CD61, cMyc, cJun, cFos und Osteonektin nachgewiesen werden (Benayahu et al. 2001). Keine Expression wurde für p53, PDGFR (*Platelet Derived Growth Factor Receptor*) und MMP9 detektiert.

4.2.2.3 Subzelluläre Lokalisation von EFNA1 und EphA2

Im weiteren Verlauf wurde zunächst die Lokalisation von EFNA1 und EphA2 mittels Immunfluoreszenz-Färbung in den Osteosarkom-Zelllinien HOS, MNNG/HOS und SaOS2 analysiert. Die subzelluläre Lokalisation von EFNA1 war in allen drei untersuchten Zelllinien gleich (**Abbildung 17A-C**). EFNA1 zeigte sich zytoplasmatisch, jedoch nicht membranös exprimiert. Eine hohe Konzentration um den Kern konnte festgestellt werden. An den Zell-Zell-Kontakten konnte keine EFNA1-Expression detektiert werden.

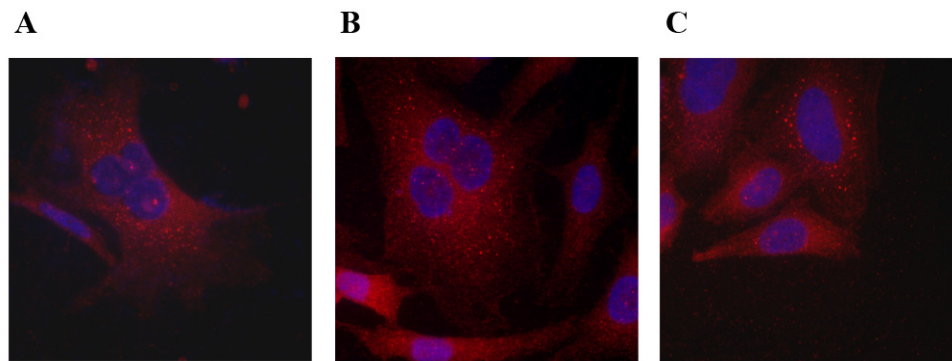


Abbildung 17: A-C: Immunfluoreszenz-Färbung des EFNA1-Antigens.

HOS (A), MNNG/HOS (B) und SaOS2 (C). Rot: EFNA1. Blau: DAPI-Kernfärbung. 400fach vergrößert.

Im Gegensatz zu EFNA1 wies EphA2 große Unterschiede innerhalb der untersuchten Zellen auf. HOS-Zellen zeigten eine diffuse Lokalisation von EphA2 (**Abbildung 18A**). Weiterhin wurde eine geringe membranöse Anfärbung an Zellen, die nicht im Kontakt zu Nachbarzellen standen, festgestellt. In MNNG/HOS (**Abbildung 18B**) und SaOS2 (**Abbildung 18C**) hingegen wurde EphA2 vorrangig an Zell-Zell-Kontakten gefunden. Unabhängig von Zell-Zell-Kontakten sowie bei Zellen, die nicht in unmittelbarem Kontakt zu Nachbarzellen standen, konnte kaum membranöses EphA2 detektiert werden. In diesen Fällen war EphA2 in so genannten „Membrane Ruffles“ akkumuliert (**Abbildung 18B, C Pfeil**).

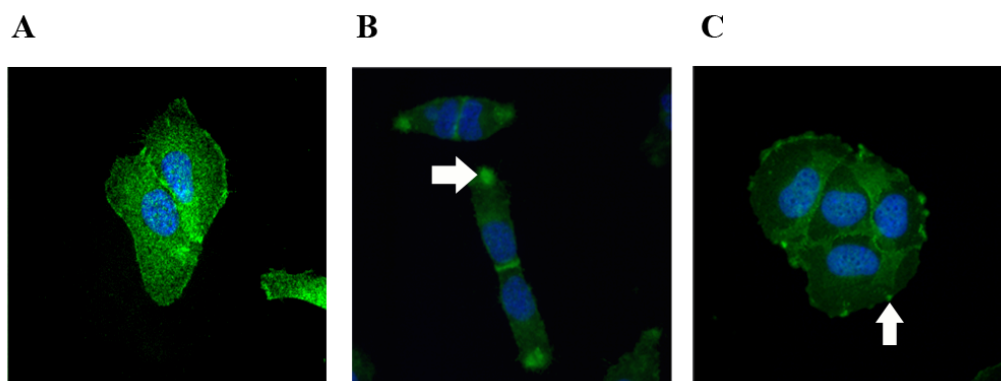


Abbildung 18: A-C: Immunfluoreszenz-Färbung des EphA2-Rezeptors.

HOS (A), MNNG/HOS (B) und SaOS2 (C). Pfeile: Akkumulation von EphA2 in „Membrane Ruffles“. Grün: EphA2. Blau: DAPI-Kernfärbung. 400fach vergrößert.

Da EphA2 an Zell-Zell-Kontakten lokalisiert ist, besteht die Möglichkeit, dass die Expression selbst durch den Zell-Zell-Kontakt reguliert wird. Daher untersuchten wir, ob die Dichte der Zellen Einfluss auf die Expression des EphA2-Rezeptors ausübt. SaOS2-Zellen wurden in unterschiedlichen Konzentrationen ausplattiert, geerntet und mittels Western blot analysiert (**Abbildung 19**). Es stellte sich heraus, dass mit steigender Zelldichte auch die Expression von Aktin zunahm. Jedoch wurde deutlich, dass EphA2 trotz der Aktin-Erhöhung bei einer Zellzahl von $1 \cdot 10^5$ Zellen/ml im Vergleich zu den geringeren Zellzahlen stark anstieg.

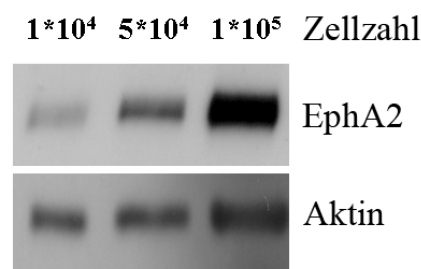


Abbildung 19: Dichte-abhängige Expression von EphA2 in SaOS2 mittels Western blot.

Aktin diente als Ladekontrolle.

4.2.2.4 Einfluss von EFNA1/F_c auf den Rezeptor EphA2

Es ist bekannt, dass die Liganden-vermittelte Aggregation von Transmembranrezeptoren zur Phosphorylierung und Rezeptor-Internalisierung sowie zu deren Degradation führt (Macrae et al., 2005; Nakamura et al., 2005; Pratt und Kinch, 2002). Da sowohl EphA2 als auch EFNA1 im Osteosarkom überexprimiert werden, sollten die Konsequenzen der EFNA1-EphA2-Interaktion mittels des löslichen EFNA1-Liganden, EFNA1/F_c, untersucht werden. Bei diesem wurde die extrazelluläre Domäne des Maus-efna1 an die humane Immunglobulinregion von IgG₁ gebunden (Pandey et al., 1995; Takahashi und Ikeda, 1995) (**Abbildung 20**). Anschließend

wurde das chimäre EFNA1/F_c Protein in der Maus-Myelom-Zelllinie NS0 exprimiert.

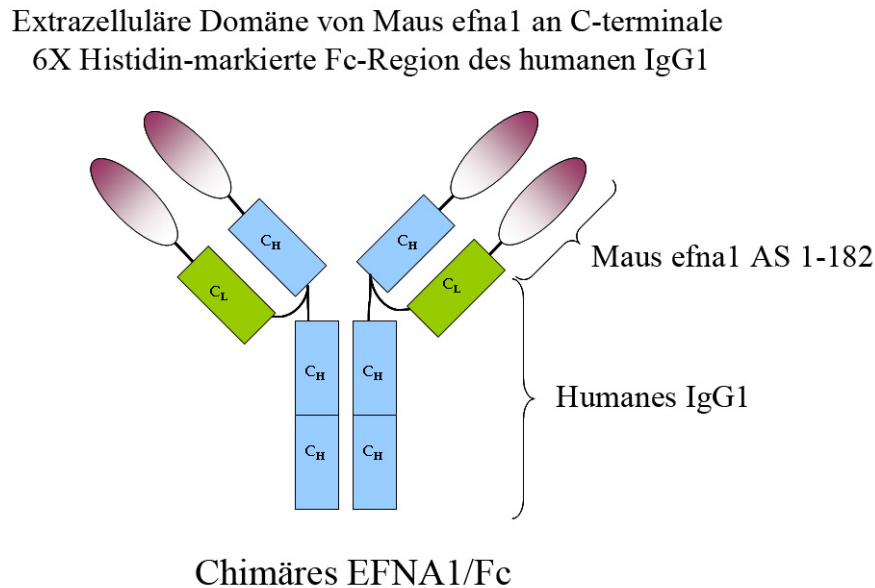


Abbildung 20: Struktur des chimären löslichen Liganden EFNA1/F_c.

4.2.2.4.1 Dosis-abhängige Suppression von EphA2

Im ersten Versuch wurden HOS Zellen für 60min mit unterschiedlichen Konzentrationen (0,01–2,0µg/ml) EFNA1/F_c behandelt und mittels Western blot analysiert (**Abbildung 21**). Es wurde festgestellt, dass die Degradation des EphA2-Rezeptors von der Dosis des eingesetzten Liganden abhängt. Bereits 0,01µg/ml löslicher Ligand reichte aus, um eine Reduktion des EphA2-Proteins hervorzurufen. Sofern nicht anders angegeben wurde in allen weiteren Versuchen 1µg/ml EFNA1/F_c-Ligand zur Behandlung der Zellen eingesetzt.

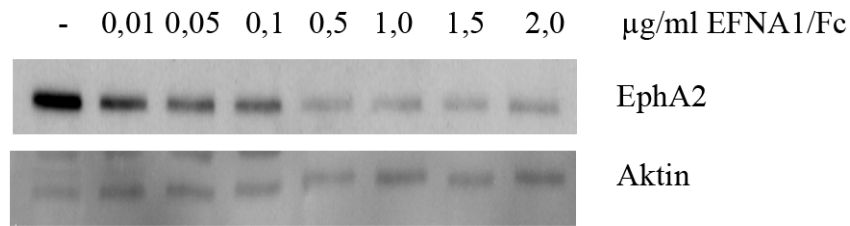


Abbildung 21: Dosis-abhängige Reduktion von EphA2.

HOS Zellen wurden für eine Stunde mit 0,01–2,0 µg/ml EFNA1/F_c inkubiert. Anschließend wurde die Protein-Expression von EphA2 mittels Western blot ermittelt. Aktin diente als Ladekontrolle. -: unbehandelte Kontrolle.

4.2.2.4.2 Tyrosinphosphorylierung durch EFNA1/F_c

In verschiedenen Karzinomen (Blasen-, Colon-, Magen-, Mamma- und Prostatakarzinom) konnte nachgewiesen werden, dass EphA2 unphosphoryliert vorliegt (Abraham et al., 2006; Dail et al., 2006; Macrae et al., 2005; Nakamura et al., 2005; Noblitt et al., 2004; Potla et al., 2002; Pratt und Kinch, 2002; Walker-Daniels et al., 2002; Zantek et al., 1999; Zelinski et al., 2001). Behandelt man diese Tumore mit EFNA1/F_c, führt dies zu Tyrosinphosphorylierung des Rezeptors. Um den Einfluss des EFNA1Liganden auf die Tyrosinphosphorylierung zu analysieren, wurden HOS, MNNG/HOS und SaOS2 Zellen mit 1 µg/ml EFNA1/F_c inkubiert und anschließend mittels eines anti-PY-Antikörpers analysiert (**Abbildung 22**). Unter EFNA1/F_c-Behandlung fand eine Zeit-abhängige Tyrosinphosphorylierung statt. In allen Zellen konnte eine Zunahme der Gesamt-Tyrosinphosphorylierung nachgewiesen werden, die aber nicht EphA2-spezifisch erfolgte.

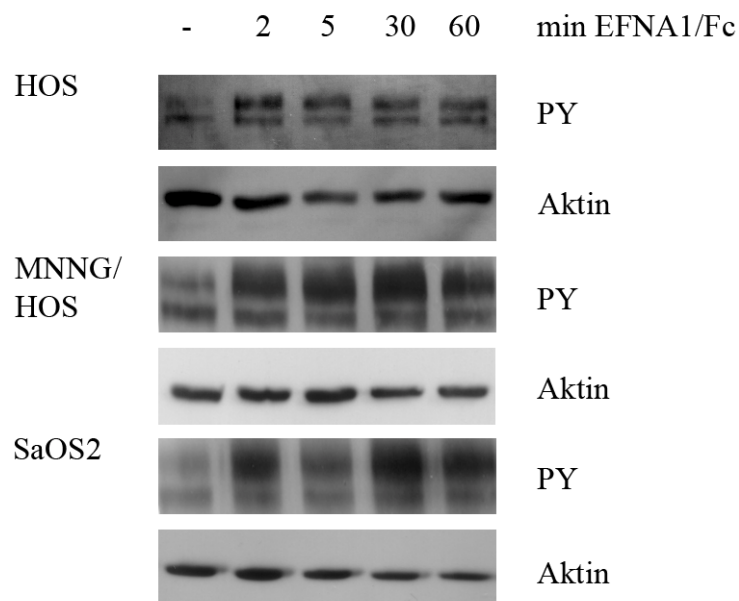


Abbildung 22: Tyrosinphosphorylierung durch EFNA1.

HOS, MNNG/HOS und SaOS2 wurden mit 1µg/ml EFNA1/Fc für die angegebenen Zeitpunkte inkubiert. Anschließend wurde die Tyrosinphosphorylierung mittels eines humanen anti-PY-Antikörpers ermittelt. Aktin diente als Ladekontrolle. -: unbehandelte Kontrolle.

4.2.2.4.3 *Zeit-abhängige Internalisierung von EphA2 und Aktivierung des MAPK-Signalweges*

Anschließend sollte die EphA2-Protein-Expression unter EFNA1/Fc-Behandlung analysiert werden. EFNA1 kann auf Protein-Ebene nicht nachgewiesen werden, da kein monoklonaler Antikörper zur Verfügung steht, welcher ausschließlich humanes EFNA1 erkennt. Der für die Versuche benutzte chimäre Maus-Mensch-EFNA1/Fc-Ligand wird auch von dem eingesetzten EFNA1-Antikörper erkannt.

HOS, MNNG/HOS und SaOS2 Zellen wurden mit 1µg/ml EFNA1/Fc behandelt und EphA2 mittels Immunfluoreszenz-Färbung analysiert (**Abbildung 23**). Anhand dieser Methode wurde deutlich, dass unter EFNA1/Fc-Behandlung EphA2 schon nach 10min von der Membranoberfläche ins Zytoplasma internalisiert wird. Abnehmende EphA2-Färbung und weitere Internalisierung des Proteins konnte nach 30min und 60min in allen drei Zelllinien beobachtet werden.

Vergleichbare Ergebnisse wurden mittels Western blot Analyse erzielt (**Abbildung 24**). Die Immunreaktivität von EphA2 nahm in HOS, MNNG/HOS und SaOS2 schon nach 2min EFNA1/F_c-Behandlung ab. Eine deutliche Reduktion nach 2h konnte bei allen Zelllinien im Vergleich zur unbehandelten Kontrolle festgestellt werden. Längere Einwirkzeit des Liganden führte zur weiteren Abnahme des EphA2-Protein-Gehaltes.

Die Literaturdaten der EphA2-vermittelten Aktivierung des MAPKSignalweges durch seinen Liganden EFNA1 sind uneinheitlich. Einige Studien zeigten, dass die Interaktion des Liganden und des Rezeptors zu dessen Phosphorylierung und gleichzeitig zur Reduktion von P-Erk führen (Macrae et al., 2005; Parri et al., 2005). Im Gegensatz dazu steht die Analyse von Pratt und Kinch 2002, die in Mammakarzinom-Zelllinien zeigte, dass mittels des löslichen EFNA1 Liganden P-Erk nach 5-20min zunimmt. Ab 30min (bis 60min) wurde dann eine Abnahme von P-Erk beobachtet. Der Zeit-aufgelöste Versuch nach EFNA1/F_cBehandlung in Osteosarkom-Zellen zeigte, dass der P-Erk Gehalt in HOS und SaOS2 unter EFNA1/F_c nach 2min anstieg (**Abbildung 24**). Der Höhepunkt der ErkAktivierung war nach 30min erreicht. Nach 4h sank das P-Erk-Niveau wieder auf das der unbehandelten Kontrolle ab. Somit wurde eine transiente positive Beeinflussung der MAPK-Aktivierung festgestellt. P-Erk wurde in MNNG/HOS Zellen durch EFNA1/F_c nicht beeinflusst, da diese Zellen eine Mutation im *Met*Onkogen besitzen, wodurch der MAPK-Signalweg ständig aktiv ist (Cooper et al., 1984; Cooper et al., 1984; Tempest et al., 1986).

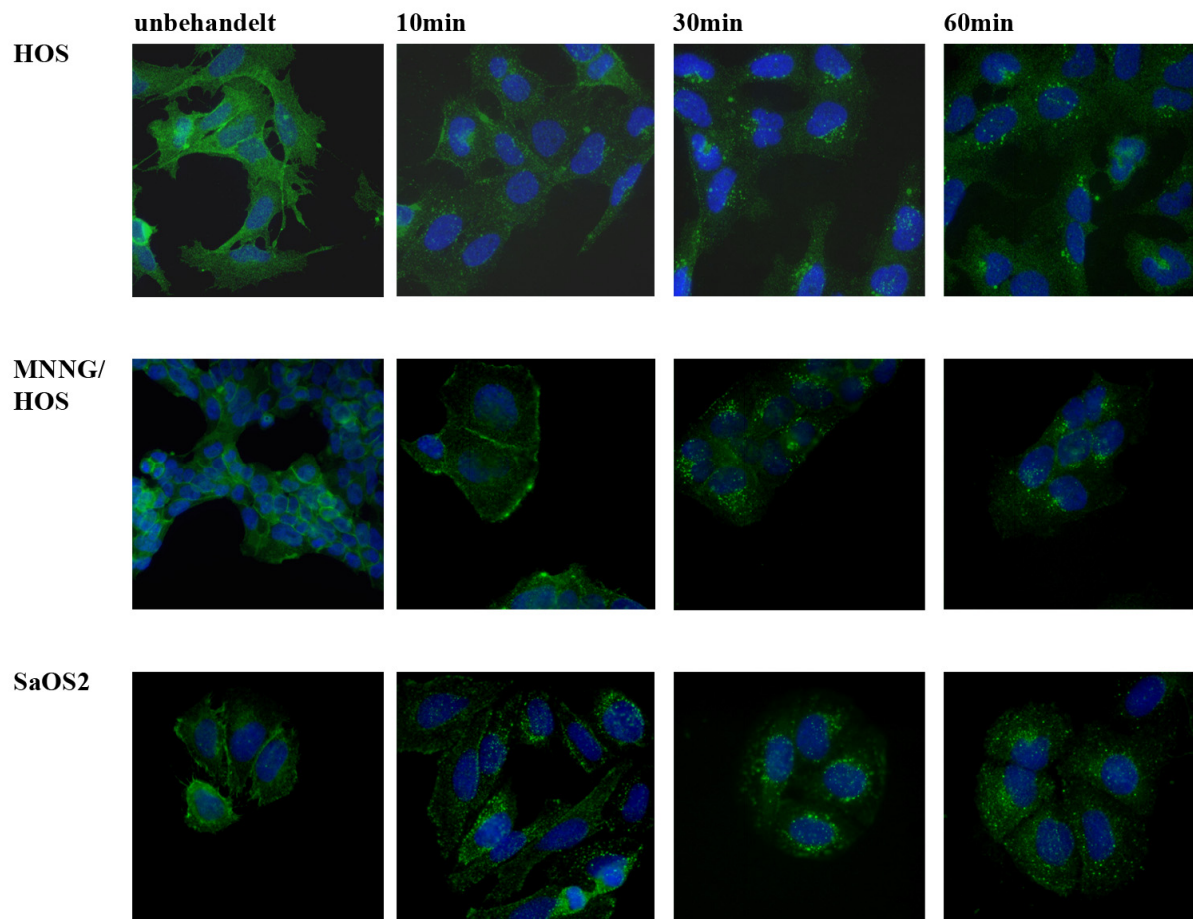


Abbildung 23: Rezeptor-Aktivierung durch EFNA1 führt zur Internalisierung von EphA2.

HOS, MNNG/HOS und SaOS2 wurden mit $1\mu\text{g/ml}$ EFNA1/ F_c behandelt und für die angegebenen Zeitpunkte inkubiert. Anschließend erfolgte die Immunfluoreszenz-Färbung mittel eines anti-EphA2-Antikörpers (grün). Blau: DAPI-Kernfärbung. 400fach vergrößert.

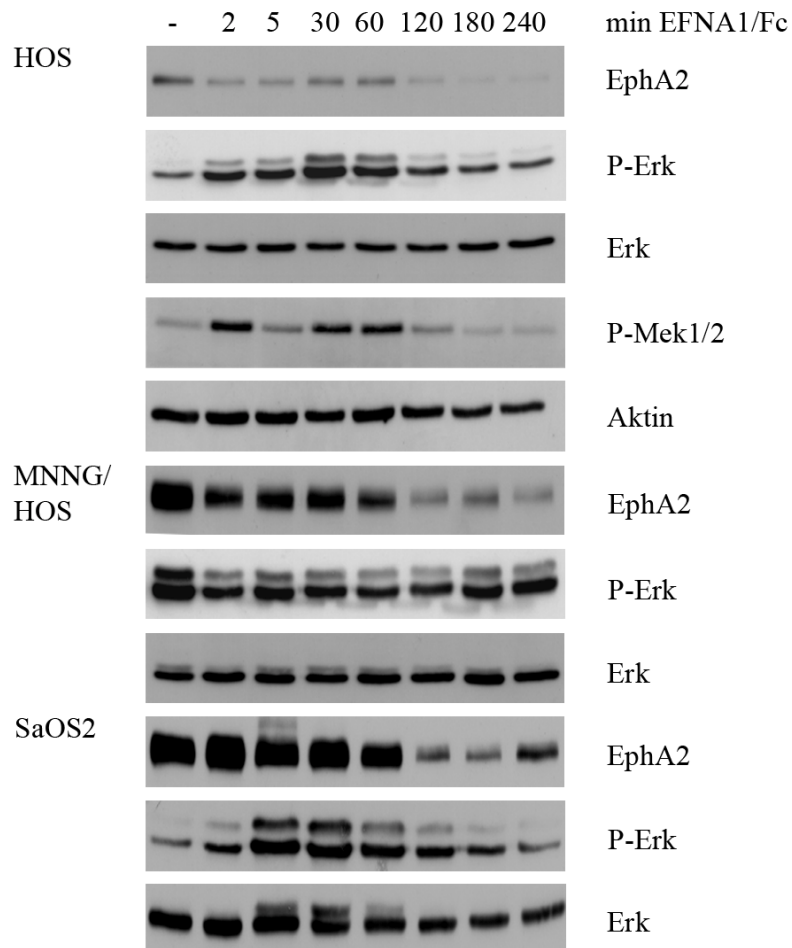


Abbildung 24: Rezeptor-Aktivierung durch EFNA1 führt zur Internalisierung von EphA2 und induziert eine transiente Aktivierung von Mek und Erk.

HOS, MNNG/HOS und SaOS2 wurden mit 1µg/ml EFNA1/F_c behandelt und für die angegebenen Zeitpunkte inkubiert. Anschließend wurde die Protein-Expression von EphA2, P-Mek und P-Erk ermittelt. Gesamt-Erk und Aktin diente als Ladekontrolle. -: unbehandelte Kontrolle.

Wie für P-Erk konnte auch eine transiente Aktivierung von Mek1/2 nach Interaktion mit dem löslichen Liganden EFNA1/F_c in HOS Zellen festgestellt werden (**Abbildung 24**). Bei diesem Versuch erreichte die Mek1/2-Aktivität nach 2min und 30-60min ihren Höhepunkt, fiel dann aber wieder auf das Niveau der unbehandelten Kontrolle herab.

In einem weiteren Experiment wurden HOS Zellen bis zu 72h mit EFNA1/F_c behandelt (**Abbildung 25**). Hier zeigte sich, dass sowohl nach 24h als auch nach 48h

der EphA2-Protein-Gehalt im Vergleich zur unbehandelten Kontrolle noch deutlich herabgesetzt war. Nach 72h konnte eine leichte Zunahme des Rezeptors detektiert werden. Der P-Erk Gehalt erhöhte sich bezogen auf nicht-behandelte Zellen nach 24h und 48h. Anschließend nahm P-Erk wieder ab (72h). Ob zu diesem Zeitpunkt endogenes EFNA1 vorlag, wurde nicht getestet.

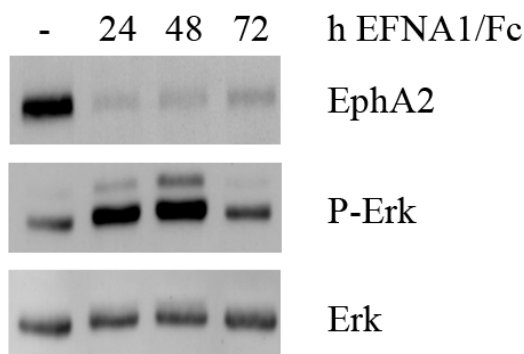


Abbildung 25: Rezeptor-Aktivierung durch EFNA1 induziert über 72h eine Aktivierung von Erk.

HOS Zellen wurden für 24h-72h mit 1µg/ml EFNA1/F_c behandelt. Anschließend wurde die Protein-Expression von EphA2 und P-Erk ermittelt. Gesamt-Erk diente als Ladekontrolle. -: unbehandelte Kontrolle.

4.2.2.4.4 Aktivierung des PI3K-Signalweges durch EFNA1

Neben Raf/Mek/Erk wird ein weiterer wichtiger Signalweg unterhalb von Ras über die Phosphatidyl-Inositol 3-Kinase (PI3K) vermittelt, welche über PIP₂ und PIP₃ sowie PDK1 Akt phosphorylieren kann. Da die EFNA1-EphA2-Interaktion den Mek/Erk-Signalweg aktiviert, sollte analysiert werden, ob auch der PI3K-Weg beeinflusst wird. HOS und MNNG/HOS Zellen wurden bis zu 60min mit EFNA1/F_c behandelt. Dies führte bei HOS zu einer leichten Aktivierung von Akt (**Abbildung 26**). MNNG/HOS blieb erneut unbeeinflusst. Die EphA2 Tyrosinkinase beeinflusst nicht nur den Ras/Erk-Signalweg, sondern wirkt vermutlich auch auf die Signaltransduktion der PI3K und Akt.

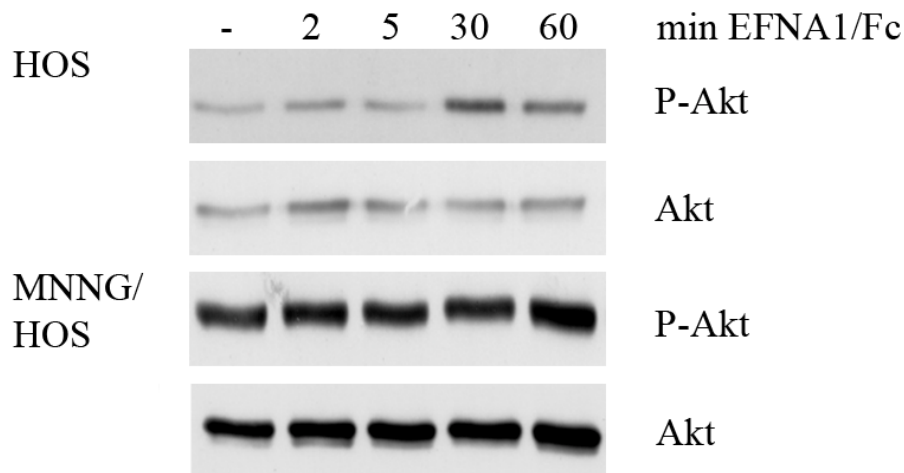


Abbildung 26: Rezeptor-Aktivierung durch EFNA1 führt zur Aktivierung von Akt.

HOS und MNNG/HOS wurden mit 1µg/ml EFNA1/F_c behandelt und für die angegebenen Zeitpunkte inkubiert. Anschließend wurde die Protein-Expression von P-Akt ermittelt. Gesamt-Akt diente als Ladekontrolle. -: unbehandelte Kontrolle.

4.2.2.4.5 Rezeptor-Reaktivierung nach Entfernung des Liganden

Unter dauerhafter Inkubation der Zellen mit dem löslichen Liganden wurde EphA2 auch dauerhaft supprimiert. Um die Kinetik der Re-Expression des Rezeptors zu analysieren, setzten wir HOS und SaOS2 Zellen 4h unter Einfluss des löslichen Liganden (**Abbildung 27**). Anschließend wurde das Medium mit EFNA1/F_c abgesaugt, die Zellen gespült und neues Medium ohne EFNA1/F_c zugegeben. Schon nach 30min konnte eine Re-Expression von EphA2 beobachtet werden. Eine weitere Zunahme des Protein-Gehaltes wurde bis 24h detektiert.

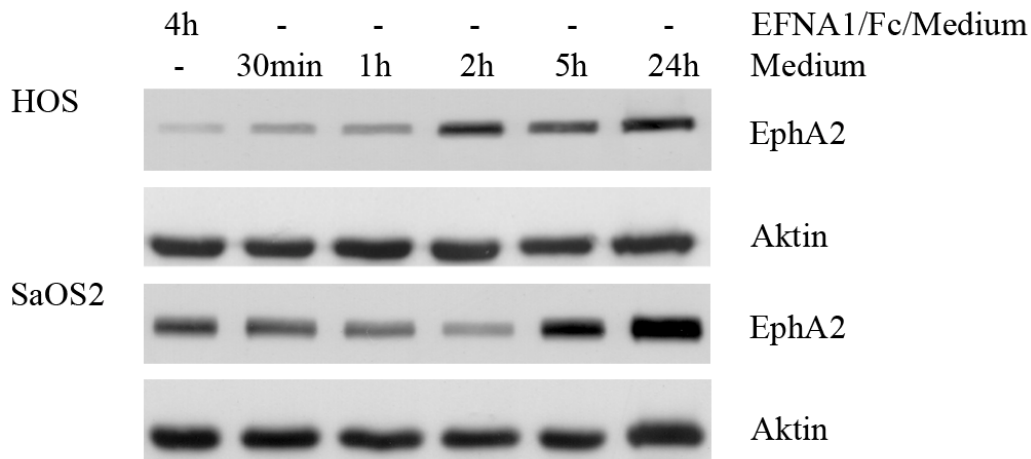


Abbildung 27: Rezeptor-Reaktivierung nach Entfernung des Liganden.

HOS und SaOS2 wurden für 4h mit $1\mu\text{g/ml}$ EFNA1/F_c behandelt. Anschließend wurde der lösliche Ligand entfernt und die Zellen für die angegebenen Zeitpunkte im Medium inkubiert. Folgend wurde die Protein-Expression von EphA2 ermittelt. Aktin diente als Ladekontrolle.

4.2.2.4.6 Aktivierung der Transkriptionsfaktoren Elk1 und cJun durch EFNA1/F_c und Autoregulation von EphA2 und EFNA1

Frühere Studien zeigten, dass eine MAPK-abhängige Transkription durch Elk1, cJun und cFos eine wichtige Rolle im Osteosarkom spielt (Angel und Karin, 1991; David et al., 2005; Deng und Karin, 1994; Papachristou et al., 2003; Pratt und Kinch, 2002). Daher untersuchten wir anhand von HOS Zellen, ob die EFNA1/F_c-induzierte Aktivierung von Erk eine Aktivierung dieser Transkriptionsfaktoren unterhalb des MAPKSignalweges auslösen kann (**Abbildung 28**). Die Liganden-Stimulation von EphA2 resultierte in einer Zeit-abhängigen Phosphorylierung von Elk1 und cJun. Phosphoryliertes cFos zeigte sich im Vergleich zur unbehandelten Kontrolle unverändert.

Anschließend überprüften wir, ob die Behandlung der Zellen mit dem EFNA1/F_c-Liganden eine Zeit-abhängige Suppression der *EphA2*- und *EFNA1*-mRNS bewirkt. Wir behandelten HOS und MNNG/HOS Zellen für 48h mit $1\mu\text{g/ml}$ EFNA1/F_c. Die RNS wurde extrahiert und mittels RT-PCR auf die Expression von *EphA2* und *EFNA1* hin analysiert. Auf transkriptioneller Ebene konnte weder bei HOS noch bei

MNNG/HOS eine Änderung im mRNS-Niveau von *EphA2* unter Einfluss von EFNA1/Fc festgestellt werden (**Abbildung 29**). Im Gegensatz dazu zeigte die mRNS von *EFNA1* in HOS und MNNG/HOS Zellen nach 2min und 5min eine deutlich stärkere Expression im Vergleich zur unbehandelten Kontrolle (**Abbildung 30**).

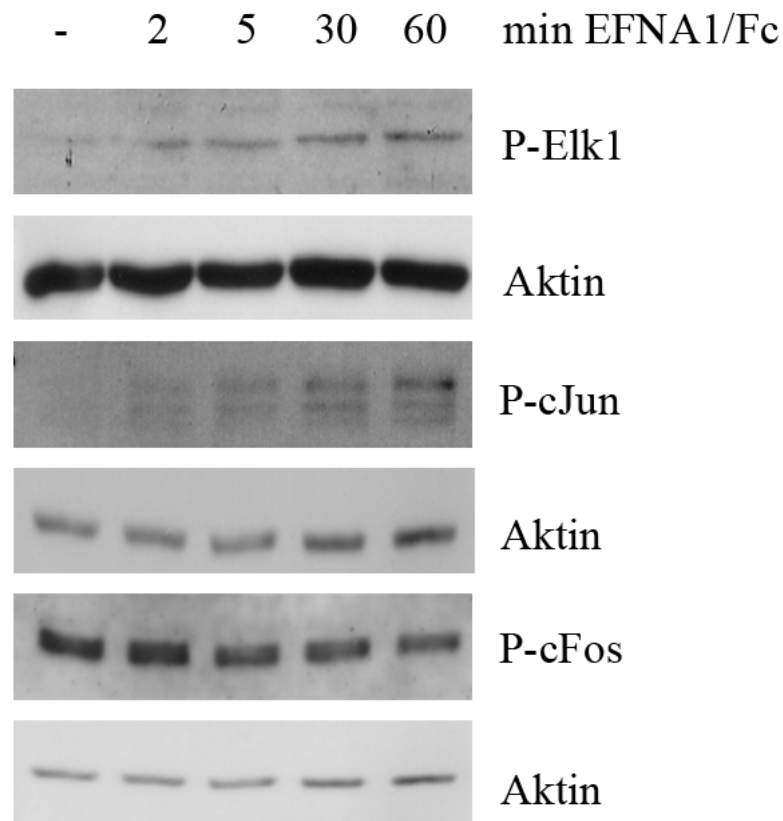


Abbildung 28: Aktivierung von MAPK-abhängigen Transkriptionsfaktoren durch EFNA1.

HOS wurde mit 1µg/ml EFNA1/Fc behandelt und für die angegebenen Zeitpunkte inkubiert. Anschließend wurde die Protein-Expression von P-Elk1, P-cJun und P-cFos ermittelt. Aktin diente als Ladekontrolle. -: unbehandelte Kontrolle.

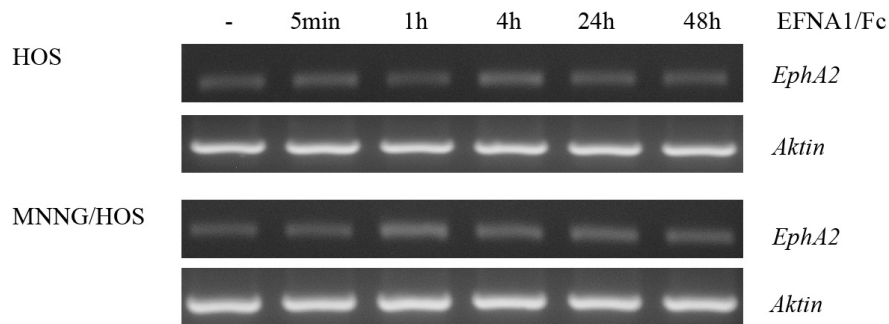


Abbildung 29: *EphA2*-mRNS unter Einfluss des löslichen Liganden EFNA1/F_c.

HOS und MNNG/HOS wurden mit 1µg/ml EFNA1/F_c behandelt und für die angegebenen Zeitpunkte inkubiert. Anschließend erfolgten die RNS-Isolierung und die Analyse mittels RT-PCR. *Aktin* diente als Ladekontrolle. -: unbehandelte Kontrolle.

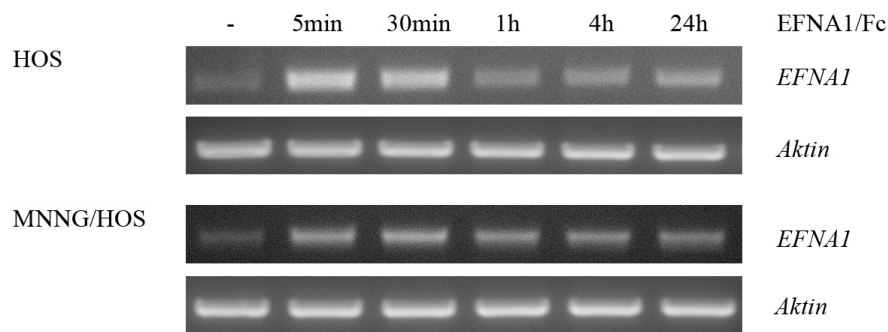


Abbildung 30: *EFNA1*-mRNS unter Einfluss des löslichen Liganden EFNA1/F_c.

HOS und MNNG/HOS wurden mit 1µg/ml EFNA1/F_c behandelt und für die angegebenen Zeitpunkte inkubiert. Anschließend erfolgten die RNS-Isolierung und die Analyse mittels RT-PCR. *Aktin* diente als Ladekontrolle. -: unbehandelte Kontrolle.

Die bisherigen Ergebnisse lassen sich wie folgt zusammenfassen:

- 1.) EFNA1/F_c führt zur Zeit-abhängigen Tyrosinphosphorylierung in den behandelten Zellen.

- 2.) Unter EFNA1/F_c-Einfluss kommt es zur Zeit- und Dosis-abhängigen Suppression des EphA2-Proteins.
- 3.) Durch die Behandlung mit EFNA1/F_c findet eine Internalisierung und vermutlich eine Degradation des EphA2-Proteins statt. EphA2 wird jedoch re-exprimiert, sobald kein löslicher Ligand mehr im Überschuss vorhanden ist.
- 4.) Sowohl der Ras/Erk- als auch der Ras/PI3K-Signalweg werden durch die Zugabe von EFNA1/F_c transient positiv beeinflusst. Eine Aktivierung von Erk, Mek und Akt konnte in HOS bzw. SaOS2 Zellen nachgewiesen werden.
- 5.) Die unterhalb des Ras/MAPK-Signalweges liegenden Transkriptionsfaktoren cJun und Elk1 werden durch den löslichen Liganden EFNA1/F_c aktiviert. Für cFos konnte keine Aktivierung detektiert werden.
- 6.) EFNA1 ist möglicherweise selbst ein Zielgen des EphA2-Rezeptors.

4.2.2.4.7 EphA2 und EFNA1 als Zielgene des MAPK-Signalweges

Macrae et al. 2005 zeigten, dass EphA2 ein direktes transkriptionelles Zielgen des Raf/MAPK-Signalweges ist. Dazu wurden serumausgehungerte NIH3T3 Zellen, die ein Fusionsprotein, bestehend aus einer onkogenen Form von Raf1 und der Hormonbindungsdomäne des Androgenrezeptors, exprimieren, mit Testosteron stimuliert. Dadurch kam es zur Aktivierung von Raf und dem MAPK-Signalweg. Im Vergleich zu nicht-transformierten Zellen konnte so eine 3,5-5fach erhöhte Expression von EphA2 mittels Microarray festgestellt werden. Dieses wurde anschließend durch Northern blot und RT-PCR Analyse validiert. Weiterhin konnte auch auf Protein-Ebene eine Expression von EphA2 in diesen Zellen festgestellt werden. Somit sollte gezeigt werden, dass die Aktivierung von Raf die mRNA- und Protein-Expression von EphA2 erhöht. Zusätzlich wurden verschiedene Mammarkarzinom-Zelllinien mit dem Mek-Inhibitor U0126 behandelt. Dies führte zur Senkung des P-Erk- sowie des EphA2-Protein-Gehaltes und bestätigte, dass EphA2 ein Zielgen des Raf/MAPK-Signalweges darstellt.

MNNG/HOS Zellen wurden für 24h mit 50µM U0126 behandelt und anschließend mittels RT-PCR, Durchflusszytometrie und Western blot auf ihre P-Erk und EphA2 Expression hin analysiert. Zusätzlich wurde die mRNS-Expression von *EFNA1* bestimmt. Zur Kontrolle wurden Zellen mit dem Lösungsmittel DMSO behandelt. U0126 blockiert die Mek-Kinaseaktivität, so dass P-Erk nicht phosphoryliert wird. Sollten *EphA2* und *EFNA1* Zielgene des MAPK-Signalweges sein, müsste mit der Phosphorylierung von Erk auch die Expression von EphA2 und EFNA1 abnehmen. Wie in **Abbildung 31A-C** gezeigt, ist eine Reduktion von P-Erk sowie EphA2 durch U0126 auf Protein- und mRNS-Ebene sichtbar. Auch *EFNA1* zeigte eine Reduktion der mRNS unter U0126-Einfluss (**Abbildung 31C**). Dies lässt vermuten, dass EphA2 und EFNA1 im Osteosarkom direkt vom MAPK-Signalweg beeinflusst werden.

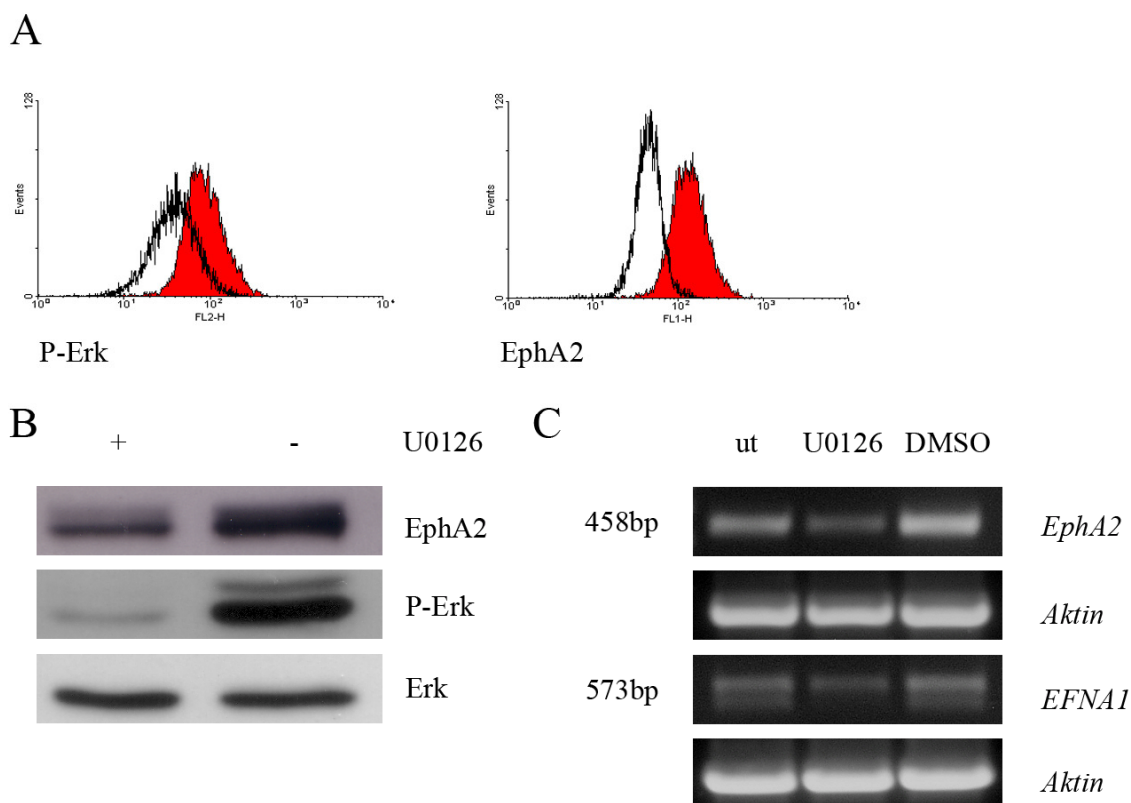


Abbildung 31: A-C: EphA2 und EFNA1 als Zielgene des MAPK-Signalweges.

Durchflusszytometrie (A), Western blot (B) und RT-PCR (C) in MNNG/HOS Zellen, welche mit 50µM U0126 für 48h behandelt wurden. Rot: DMSO behandelt. Schwarz: U0126 behandelt. Erk diente als Ladekontrolle für den Western blot und *Aktin* für die RT-PCR.

4.2.2.4.8 Verminderte EphA2-Expression unter Serumentzug

Die Expression des Oberflächenrezeptors EphA2 in serumhaltigen Medien wurde in den vorangegangenen Analysen gezeigt. Weiterhin konnte bestätigt werden, dass EFNA1/F_c zur Aktivierung des Ras/MAPK-Signalweges führt und EphA2 ein Zielgen im MAPK-Signalweg darstellt. Da bekannt ist, dass fötales Kälberserum Wachstumsfaktoren enthält, die den MAPK-Signalweg beeinflussen können, wurde untersucht, inwiefern die Expression von EphA2 durch Serumfaktoren beeinflusst wird.

HOS und MNNG/HOS Zellen wurden in Abwesenheit und Anwesenheit von Serum für 48h inkubiert und anschließend mittels Durchflusszytometrie auf ihre EphA2- und P-Erk-Expression hin untersucht. Eine leicht erniedrigte Aktivierung von Erk durch das Fehlen von Wachstumsfaktoren im Medium konnte in beiden Zelllinien bestätigt werden (**Abbildung 32**). In Abwesenheit von Serum war die Expression von EphA2 bei beiden Osteosarkom-Zelllinien deutlich reduziert (**Abbildung 32**). Die Reduktion der EphA2-Expression war in HOS Zellen stärker ausgeprägt als in MNNG/HOS Zellen. In dieser wird der Ras/MAPK-Signalweg durch das *Met*-Onkogen vermutlich kontinuierlich aktiviert. Jedoch konnte auch in diesen Zellen eine Abnahme des EphA2-Protein-Gehaltes detektiert werden.

Weiterhin wurde untersucht, ob der lösliche Ligand EFNA1/F_c auch in Abwesenheit von Serum zur Aktivierung von Erk führt. SaOS2 Zellen wurden ausplattiert und für 24h ausgehungert (Inkubation in Medium ohne Zugabe von FCS). Anschließend folgte die Behandlung für 2min, 5min und 60min mit 1µg/ml EFNA1/F_c. Wie in **Abbildung 24** gezeigt konnte die Aktivierung von Erk durch EFNA1/F_c auch unter Serumentzug bestätigt werden (**Abbildung 33**). Im Vergleich zu Zellen, die mit EFNA1/F_c und Serum behandelt wurden, fällt die Aktivierung von Erk schwächer aus. Dies deutet darauf hin, dass der lösliche Ligand allein in der Lage ist, den MAPK-Signalweg über die Bindung an den Rezeptor EphA2 zu stimulieren. Dieser Vorgang wird jedoch durch Serumfaktoren zusätzlich verstärkt.

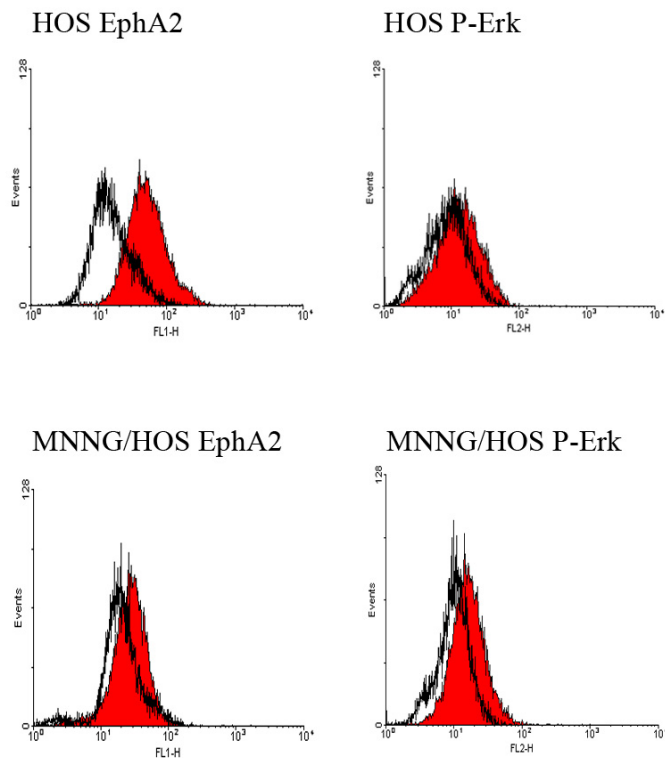


Abbildung 32: Serum-abhängige Expression von EphA2 und P-Erk in HOS und MNNG/HOS Zellen.

Rot: Zellen unter Einfluss des stimulierten MAPK-Signalweges mittels FCS. Schwarz: Zellen ohne Zugabe von FCS.

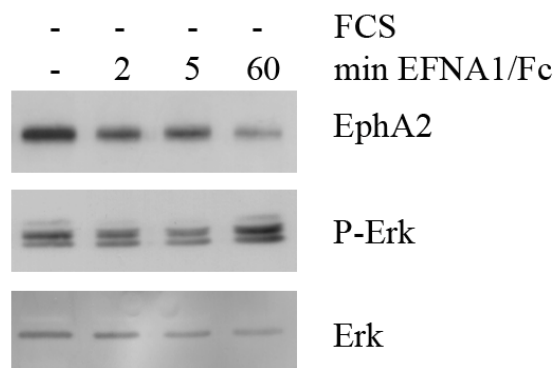


Abbildung 33: Rezeptor-Aktivierung durch EFNA1 führt zur Internalisierung von EphA2 und induziert eine Aktivierung von Erk unter Serumentzug.

SaOS2 wurde unter Ausschluss von FCS für 24h inkubiert und für die angegebenen Zeitpunkte mit 1µg/ml EFNA1/Fc behandelt. Anschließend wurde die Protein-Expression von EphA2 und P-Erk ermittelt. Gesamt-Erk diente als Ladekontrolle. -: unbehandelte Kontrolle.

Nachdem die Signalwege der EFNA1-EphA2-Interaktion untersucht wurden stellte sich die Frage, ob diese Interaktion auf die Morphologie sowie das proliferative Verhalten von Osteosarkom-Zellen Auswirkungen haben.

4.2.2.4.9 EFNA1/F_c hat keinen Einfluss auf die De-Phosphorylierung von FAK

FAK (*Focal Adhesion Kinase*), eine zytoplasmatisch Kinase, die in fokalen Adhäsionspunkten (*Focal Adhesions*) lokalisiert ist, wird in vielen Zelltypen als Antwort auf Zelladhäsion Tyrosinphosphoryliert (Richardson und Parsons, 1995; Schwartz et al., 1995). In Tumoren geht eine erhöhte Phosphorylierung von FAK meist mit stärkerer Malignität und Metastasierung sowie schlechter klinischer Prognose einher (Cance et al., 2000; Owens et al., 1995; Recher et al., 2004; Schlaepfer et al., 2004). EphA2 ist mit FAK *in vivo* assoziiert und in PC-3 Prostatakarzinom-Zellen kolokalisiert (Miao et al., 2000). EphA2-Aktivierung durch den EFNA1 Liganden kann diesen Komplex zerstören und die Intergin-vermittelte Zelladhäsion, Ausbreitung und Migration dadurch inhibieren (Miao et al., 2000). Gleichzeitig wird FAK dephosphoryliert (Miao et al., 2000). Um eine mögliche Kolokalisation zwischen FAK und EphA2 sowie den Einfluss von EFNA1 auf beide zu untersuchen, wurden SaOS2 Zellen mittels Immunfluoreszenz-Färbung auf ihre P-FAK- und EphA2-Expression hin analysiert (**Abbildung 34**). EphA2 und P-FAK waren v. a. an den fokalen Adhäsionspunkten koexprimiert. An den Zell-Zell-Grenzen wurde eine EphA2-, jedoch kaum eine Expression von P-FAK beobachtet.

Miao et al. 2000 zeigten, dass eine Liganden-abhängige Aktivierung von EphA2 nach 5min zur transienten Abrundung und Ablösung von ProstatakarzinomZellen führt. Weiterhin wurde unter Einfluss des Liganden eine transiente DePhosphorylierung von FAK beobachtet. Auf Grund dessen behandelten wir HOS und MNNG/HOS Zellen mit 1µg/ml EFNA1/F_c und entnahmen nach 2min, 5min, 30min, 60min und 240min Protein-Extrakte. Diese wurden mittels Western blot auf ihre P-FAK-Expression hin analysiert. Zusätzlich kontrollierten wir alle 5min mikroskopisch die Morphologie der Zellen. Weder in HOS noch in MNNG/HOS Osteosarkom-Zellen konnte eine Abnahme der FAK-Phosphorylierung nach Inkubation des löslichen

Liganden EFNA1/F_c beobachtet werden (**Abbildung 35**). Im Gegensatz zu den veröffentlichten Daten hat die Phosphorylierung von FAK keine Auswirkungen auf die Morphologie der Zellen. Es konnte weder eine Abrundung noch eine Ablösung der Zellen beobachtet werden (**Abbildung 36**).

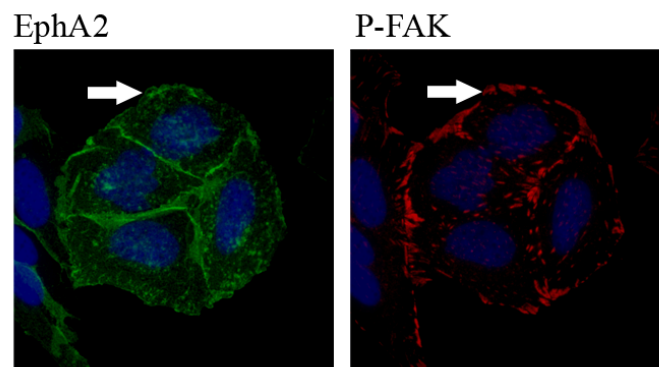


Abbildung 34: Teilweise Kolokalisation von EphA2 (grün) und P-FAK (rot).

Eine Kolokalisation von EphA2 und P-FAK konnte an den fokalen Adhäsionspunkten festgestellt werden (Pfeile), jedoch nicht an den Zell-Zell-Grenzen. Immunfluoreszenz-Doppelfärbung. Blau: DAPI-Kernfärbung. 400fach vergrößert.

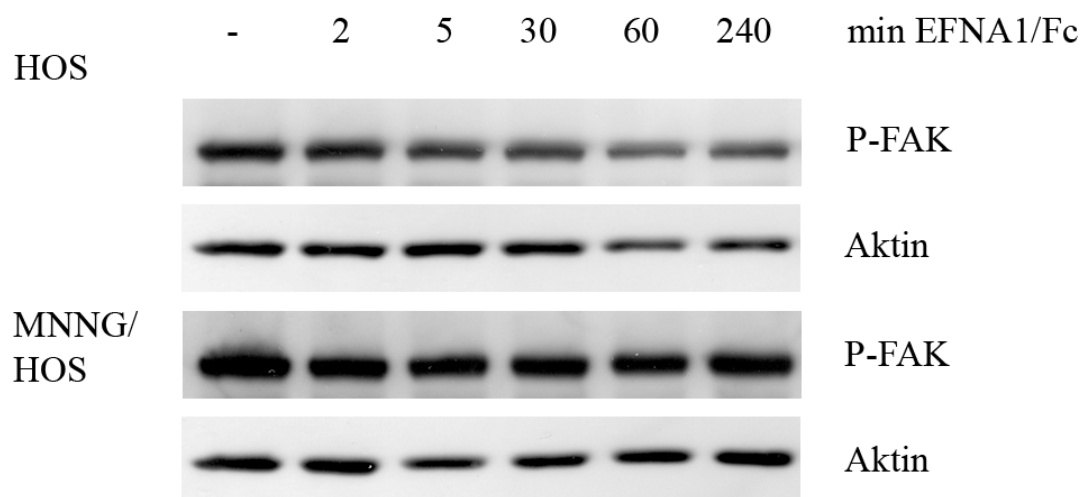


Abbildung 35: FAK wird durch EFNA1/F_c nicht dephosphoryliert.

HOS und MNNG/HOS wurden mit 1µg/ml EFNA1/F_c behandelt. Anschließend wurde die Protein-Expression von P-FAK ermittelt. Aktin diente als Ladekontrolle. -: unbehandelte Kontrolle.

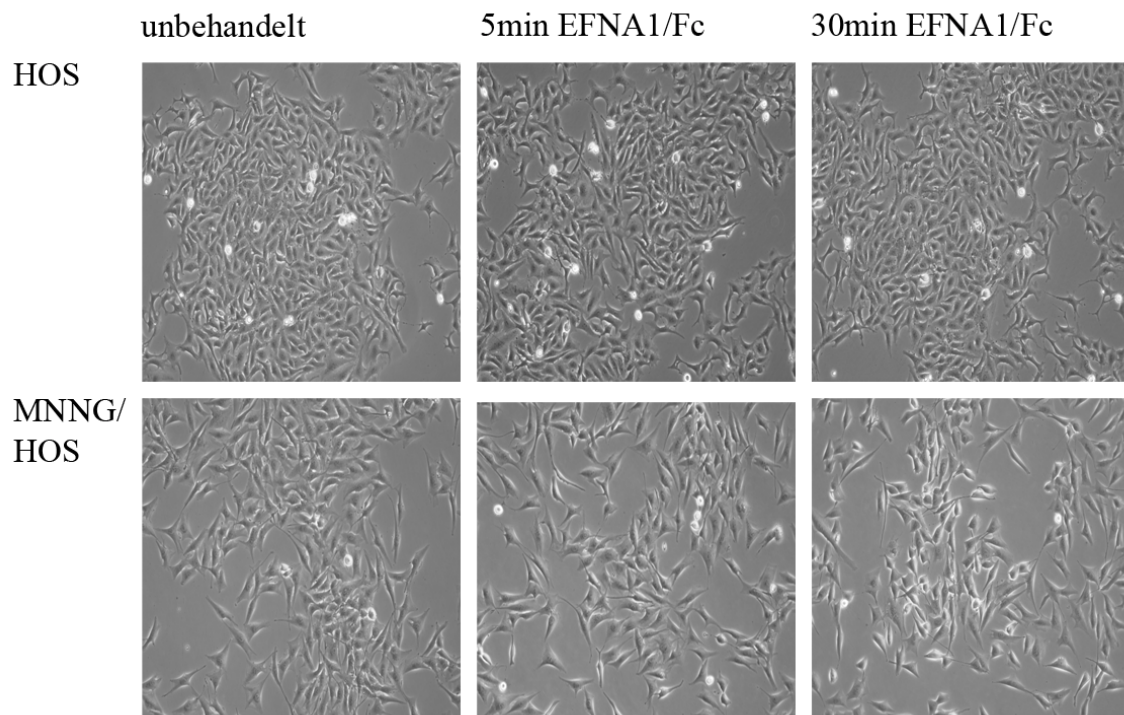


Abbildung 36: Keine Änderung der Morphologie von Osteosarkom-Zellen nach EFNA1/F_c-Behandlung.

HOS und MNNG/HOS wurden mit 1µg/ml EFNA1/F_c behandelt und alle 5min im Vergleich zur Kontrolle morphologisch mittels Mikroskop untersucht.

4.2.2.4.10 EphA2- und EFNA1/F_c- induzierte Proliferationsstimulation

In verschiedenen Studien konnte gezeigt werden, dass Zellen unter dem Einfluss des löslichen Liganden EFNA1/F_c eine reduzierte Proliferations- und Migrationsrate aufweisen (Macrae et al., 2005; Miao et al., 2001; Nakamura et al., 2005; Parri et al., 2005; Potla et al., 2002; Pratt und Kinch, 2002). Beispielsweise zeigen EphA2-exprimierende Magenkarzinom-Zellen MKN74 unter EFNA1/F_c-Einfluss ein geringeres Wachstum als unbehandelte Kontroll-Zellen (Nakamura et al., 2005). In Mammakarzinom-Zellen wurde bestätigt, dass eine transiente Erk-Aktivierung als Antwort auf EphA2-Stimulierung das Tumorstromwachstum inhibieren kann (Pratt und Kinch, 2002).

In den vorangegangenen Experimenten wurden bereits Unterschiede zwischen der EphA2-EFNA1-Interaktion im Osteosarkom verglichen zum Mammakarzinom nachgewiesen. Im weiteren Verlauf sollte nun die Anker-abhängige (2D) sowie Anker-unabhängige Proliferation (3D; PolyHema-beschichtete Platten) unter dem Einfluss des löslichen Liganden EFNA1/F_c mittels eines MTT Assays in Osteosarkom-Zellen untersucht werden. Die Technik der PolyHema (Poly2-Hydroxyethylmethacrylat) beschichteten Platten wurde erstmals von *Folkman und Moscona* 1978 beschrieben (Folkman und Moscona, 1978).

Wir plattierten HOS und MNNG/HOS in 96-Well-Platten aus und behandelten sie mit 1µg/ml EFNA1/F_c für 24h bis 96h. Im Falle des 3D-Wachstums wurde auf Grund der möglichen Akkumulation von EFNA1/F_c im PolyHema das Medium mit dem löslichen Liganden alle 24h gewechselt. Unter Einfluss von EFNA1/F_c konnte keine signifikant erhöhte oder erniedrigte Anker-abhängige Proliferation in HOS festgestellt werden (**Abbildung 37A**). Im Gegensatz dazu wurde eine signifikante (nach Auswertung mit dem Student's *t*-Test) Erhöhung der zweidimensionalen Proliferation in MNNG/HOS Zellen nach 48h ($p=0,012$), 72h ($p=0,022$) und 96h ($p=0,025$) detektiert (**Abbildung 37B**).

HOS Zellen sind nicht in der Lage, Anker-unabhängig zu wachsen (Luu et al., 2005). Daher konnte ein dreidimensionales Wachstum der HOS Zellen nicht festgestellt werden (**Abbildung 37C**). Im Gegensatz dazu sind MNNG/HOS Zellen in der Lage, im dreidimensionalen Netzwerk zu wachsen. Behandelt man diese Zellen mit dem löslichen Liganden EFNA1/F_c, kommt es zu einer signifikanten Erhöhung der Proliferation nach 72h ($p=0,048$) und 96h ($p=0,040$; **Abbildung 37D**).

Da in MNNG/HOS Zellen, welche viel EphA2 exprimieren, eine Steigerung der Proliferation unter EFNA1/F_c-Behandlung festgestellt werden konnte, untersuchten wir, ob durch Überexpression von EphA2 in den gering EphA2exprimierenden HOS Zellen derselbe Effekt erzielt werden kann. Dazu wurden HOS Zellen mit einem EphA2-Plasmid transient transfiziert. Die Transfektionseffizienz lag bei ca. 40%. Zur Kontrolle verwendeten wir der Leervektor pcDNA3 sowie gänzlich unbehandelte Zellen. 48h nach der Inkubation wurden die Zellen in 96-Well-Platten (Anker-abhängiges Wachstum) sowie in 96Well-PolyHema-Platten (Anker-unabhängiges

Wachstum) ausplattiert und bis zu 96h auf ihre Proliferationskapazität hin untersucht. Gleichzeitig wurden Proteine zur Kontrolle der Überexpression isoliert und mittels Western blot analysiert. In den EphA2-transfizierten Zellen konnte eine Zunahme des EphA2-Proteins verglichen zum Leervektor und zur unbehandelten Kontrolle festgestellt werden (**Abbildung 38**). Der Anker-abhängige Wachstums-Assay zeigte eine signifikant erhöhte Proliferation der EphA2-transfizierten HOS Zellen verglichen zu beiden Kontrollen (**Abbildung 39**). Jedoch konnte kein dreidimensionales Wachstum der HOS Kontrollzellen festgestellt werden. Auch durch eine Überexpression von EphA2 wurde das Wachstum der Zellen nicht signifikant erhöht.

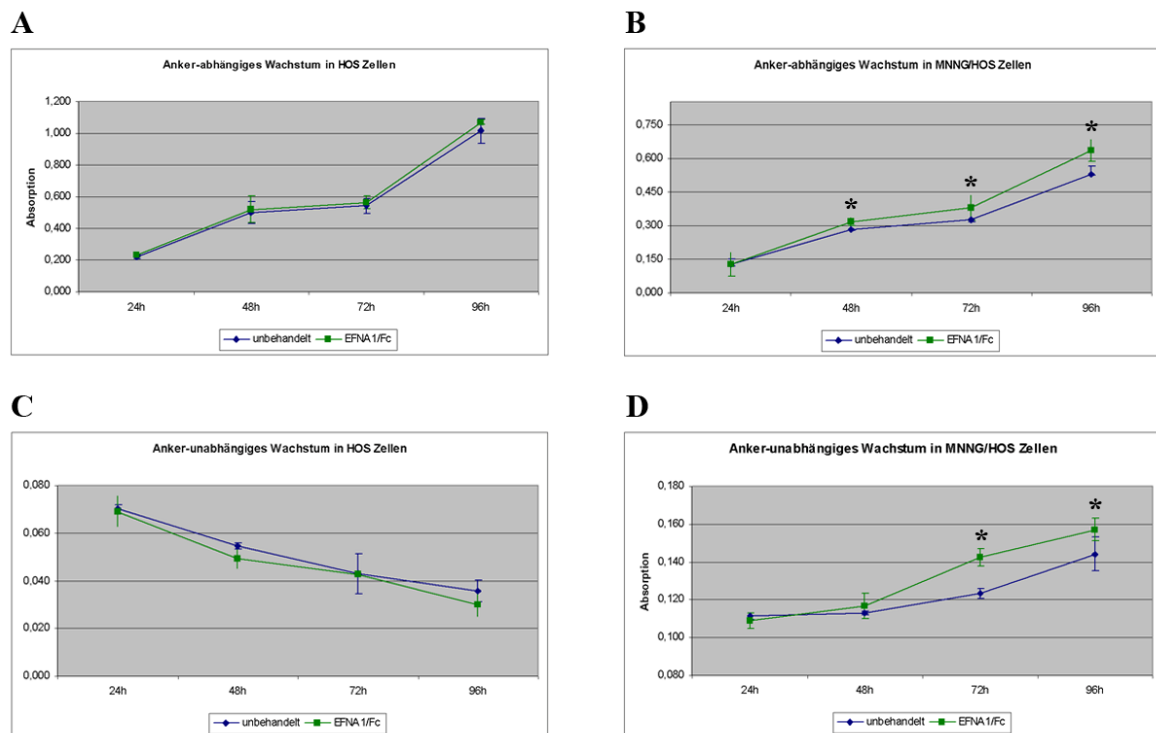


Abbildung 37: A-D: Bestimmung der Anker-abhängigen und Anker-unabhängigen Proliferation unter EFNA1/Fc-Behandlung.

A: 2D-Wachstum in HOS. **B:** 2D-Wachstum in MNNG/HOS. **C:** 3D-Wachstum in HOS. **D:** 3D-Wachstum in MNNG/HOS. Alle Experimente wurden dreifach wiederholt. *: $p < 0,05$.

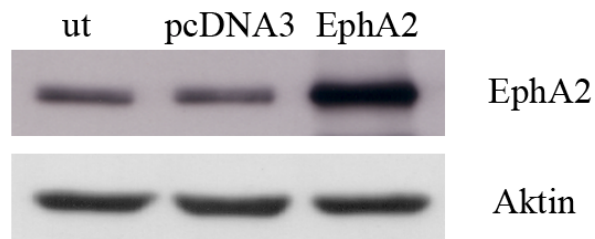


Abbildung 38: Überexpression von EphA2 in HOS Zellen.

Aktin diente als Ladekontrolle. -: unbehandelte Zellen.

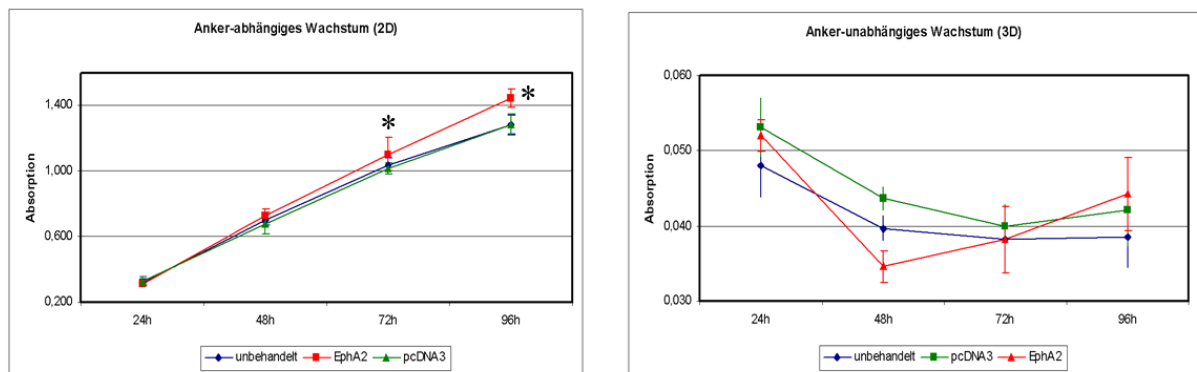


Abbildung 39: Bestimmung der Anker-abhängigen (links) und Anker-unabhängigen (rechts) Proliferation in EphA2-überexprimierenden HOS Zellen.

Alle Experimente wurden dreifach wiederholt. *: $p < 0,05$.

4.3 Diskussion

4.3.1 Microarray Analyse im Osteosarkom

Durch die Microarray Analyse von konventionellen und metastatischen Osteosarkomen im Vergleich zu einer nicht-neoplastischen Kontrolle sollten Gene ermittelt und validiert werden, die im Prozess der Entstehung und Entwicklung sowie im Verlauf der Metastasierung von Osteosarkomen eine Rolle spielen könnten. Wir analysierten insgesamt neun Osteosarkome, fünf konventionelle und vier Metastasen, sowie eine humane nicht-neoplastische Osteoblasten-Primärkultur.

Im Unterschied zur Array Analyse der Riesenzelltumore (**Kapitel 5**) wurden Replikate hybridisiert, um die statistische Signifikanz der Aussagen zu erhöhen. Normales nicht-neoplastisches Knochen-Gewebe konnte nicht verwendet werden, da gesundes Gewebe von lebenden Patienten nicht zur Verfügung stand. Aus Gewebe von Leichen ist es aber nicht möglich, intakte RNS in ausreichender Menge zu gewinnen. Als nicht-neoplastische Kontrolle wurde daher die Osteoblasten-Primärkultur HOBc verwendet.

Alle Proben konnten den jeweiligen Subgruppen (HOBc, konventionell, metastatisch) mittels hierarchischem Clustering zugeordnet werden. Auch innerhalb der Replikate wurden keine Ausreißer detektiert. Trotzdem gab es innerhalb der einzelnen Osteosarkom-Subgruppen eine große Heterogenität. So fiel beispielsweise auf, dass die konventionelle Osteosarkom-Probe OS1 in der Musterbildungs-Analyse mehr abregulierte Gene zeigte als die drei weiteren konventionellen Osteosarkome. Ob diese Heterogenität auf den individuellen Charakteristiken des Patienten (Geschlecht, Alter, Lokalisation, Grad, Chemotherapie, Regressionsgrad, Responder/Non-Responder) beruht, konnte auf Grund der geringen Anzahl an Geweben nicht weiter untersucht werden. Dafür wären Microarray Studien an einem größeren Patientenkollektiv notwendig, wobei durch hierarchisches Clustering innerhalb der Subgruppen Unterschiede und/oder Gemeinsamkeiten aufgedeckt werden könnten.

Die bisher veröffentlichten Microarray Studien an Osteosarkomen hatten zwei Hauptziele: Zum einen wurden Gene identifiziert, die im Bezug auf eine Patientengruppe prognostische Aussagekraft besitzen. Dazu wurden Expressionsprofile von metastatischen vs. nicht-metastatischen oder Chemotherapie-sensitiven vs. Chemotherapie-resistenten Tumoren verglichen. Ein weiterer Ansatz war die Analyse zellulärer bzw. onkogener Signalwege, bei denen die analysierten Gene neue Hinweise auf die Ätiologie liefern oder als potentielle Ziele für neue Therapien in Frage kommen. In der Studie von *Mintz et al. 2005* wurden mittels Cluster-Analyse Patienten mit schlechter Antwort auf Chemotherapie mit solchen verglichen, die gut auf die Chemotherapie ansprachen (*Mintz et al., 2005*). Hierbei wurden 140 differentiell exprimierte Gene gefunden, die in Signalwege der Osteoklasten-Entwicklung, des ECMRemodelings und der Resistenz gegen Apoptose involviert waren. Aus anderen Studien konnten weitere Gene identifiziert werden, deren Expression im Zusammenhang mit Chemotherapie-Resistenz eine Rolle spielen (*Ochi et al., 2004*). Beispiele hierfür stellen die Gene *AKR1C4* (*Aldo-Keto Reductase family 1, member C4*), *GPX1* (*Glutathione Peroxidase 1*) und *GSTTLp28* (*Glutathione-S-Transferase like; Glutathione Transferase omega*) dar. Zusätzlich konnte eine erhöhte Expression von DNS-Reparaturgenen in Osteosarkom-Patienten nach Chemotherapie festgestellt werden (*Leonard et al., 2003*). *Nakano et al. 2003* entdeckten sieben Gene, die zwischen hoch- (M112, M132, H3) und niedrig-metastatischen (L6, L12, L13) humanen Osteosarkom-Zellen (HuO9) differentiell exprimiert vorlagen (*Nakano et al., 2003*). *AXL* (*Receptor Tyrosin Kinase AXL*) und *WNT5A* (*Wingless-type MMTV integration site family, member 5A*) lagen aufreguliert in den hoch-metastatischen Subzelllinien im Vergleich zu den niedrig-metastatischen Zellen vor, während *IL6* (*Interleukin 6*) und *BRAG* (*B cell RAG associated protein*) signifikant geringer exprimiert wurden. Vergleicht man diese Gene mit unserer Studie, stellt man fest, dass *AXL*, *WNT5A*, *IL6* und *BRAG* differentiell exprimiert zwischen konventionellen und metastatischen Osteosarkom-Geweben vorliegen. Es scheint daher so, dass diese Gene mit dem Metastasierungsprozess *in vivo* assoziiert sind. Weiterhin wurden mittels Microarray Analyse humane Osteosarkom-Zellen (IOR/OS9, IOR/OS10, IOR/OS15) mit normalen humanen Osteoblasten verglichen (*Wolf et al., 2000*). Es konnten acht aufregulierte und 27 abregulierte Gene gefunden

werden. Unter ihnen befanden sich die auch in unserer Analyse in den Metastasen niedriger exprimierten Gene *FN1* (*Fibronectin 1*), *THBS1* (*Thrombospondin 1*) und *FBLN2* (*Fibulin 2*).

4.3.2 Ephrin-Expression im Osteosarkom

Ephrine und ihre Rezeptoren bilden die größte Gruppe der Rezeptor-Tyrosinkinasen, welche als Ligand-Rezeptor-Paar agieren und zur Tyrosin-spezifischen Phosphorylierung führen können (Boyd und Lackmann, 2001; Brambilla et al., 1995; Dodelet und Pasquale, 2000; Flanagan und Vanderhaeghen, 1998; Friedman und O'Leary, 1996; Gale und Yancopoulos, 1997; Klein, 2001). Die meisten Mitglieder der Rezeptor-Tyrosinkinasen beeinflussen zelluläre Funktionen wie Zelldifferenzierung, Zellproliferation, die Förderung des Zellüberlebens und Änderungen im Zellstoffwechsel (Lodish, 1996). Ephrine werden während der Entwicklung von Embryonen, im Nervensystem, im vaskulären und spezialisierten Endothel sowie in adulten Organen exprimiert (Andres und Ziemiecki, 2003; Frisen et al., 1999; Himanen und Nikolov, 2003; Holder und Klein, 1999; Orioli und Klein, 1997). Sie kommen jedoch auch in verschiedenen Krebsarten wie zum Beispiel Colon-, Leber-, Lungen-, Mamma-, Ovarial-, Prostata- und ösophagealen Karzinomen, Glioblastomen, Melanomen und Leukämien vor (Surawska et al., 2004). Meist sind sie in aggressiven Stadien der Tumorentwicklung und in invasiven Tumorzellen überexprimiert (Dodelet und Pasquale, 2000).

Mit Unterstützung durch die Microarray Analyse konnte ein breites Expressionsprofil der A- und B-Ephrin Liganden und Rezeptoren in Osteosarkomen erstellt werden. *EFNA1*, *EphA2*, *EphA3* und *EFNB2* zeigten sehr hohe relative Expressionswerte und eine deutliche Aufregulierung in den Osteosarkomen verglichen zur nicht-neoplastischen Kontrolle. Kritisch betrachtet muss festgestellt werden, dass die Affymetrix-Daten aber nur teilweise mit den RT-PCR-Ergebnissen korrelierten. Dies beruht wahrscheinlich auf der höheren Sensitivität der RT-PCR Analyse gegenüber der Array-Hybridisierung. Weiterhin wurden in der RT-PCR Analyse andere Primer verglichen mit den eingesetzten Sonden auf dem Chip

verwendet. Für die im Hintergrund liegenden Ephrine EFNA2, EFNB1 und EFNB3 konnte trotz der schlechten Expression im Array eine mRNA-Expression sowie eine Expression des Proteins im Osteosarkom detektiert werden. Interessant dabei war, dass EFNA2 und EFNB3 sowohl in den Tumorzellen als auch in den Endothelzellen nachweisbar waren. Dies lässt eine Interaktion zwischen Tumorzellen und Endothel vermuten, bei der Liganden mit Eph-Rezeptoren interagieren, die Mechanismen wie Angiogenese, Invasion und Metastasierung steuern. Solche Interaktionen wurden schon zuvor für EFNB2 und EFNA1 in Melanomen, Mammakarzinomen und Kaposi-Sarkomen beobachtet (Easty und Bennett, 2000; Ogawa et al., 2000; Vogt et al., 1998).

Im Vergleich zu den konventionellen Osteosarkomen konnte eine signifikante Abregulierung des EFNB1-Proteins in den Metastasen festgestellt werden. Auch die *EFNB1*-mRNA lag in den Metastasen im Vergleich zu OS1 und OS9 geringer exprimiert vor, während OS18 und OS15 vergleichbare Expressions-Niveaus aufwiesen. Varelias et al. 2002 analysierten n=9 Osteosarkome unterschiedlicher Malignität und fanden mittels RT-PCR eine Korrelation für *EFNB1* mit den klinischen Parametern (Varelias et al., 2002). Sie vermuteten, dass *EFNB1* in den aggressiveren Stadien der Osteosarkome stärker exprimiert vorliegt. Dies konnten wir weder auf mRNA-Ebene noch durch immunhistochemische Analyse bestätigen. Es lag keine Korrelation zwischen dem Grad der Osteosarkome und der *EFNB1*-Expression vor (Kendall-Tau-b 0,287, p=0,196). Ob die Abregulation von *EFNB1* in den Osteosarkom-Metastasen einen klinischen Bezug hat, sollte anhand eines größeren Patientenkollektives überprüft werden.

Auffällig war die gute Korrelation von *EphA1* im Array und in der RT-PCR, da hier eine mRNA-Expression nur in den Metastasen festgestellt wurde. Leider konnte dies auf Protein-Ebene nicht weiter untersucht werden, da nicht mehr ausreichend Gewebematerial zur Verfügung stand. Eine Aufregulation von *EphA1* wurde in Lungenkarzinomen gegenüber Lungennormalgewebe detektiert (Hafner et al., 2004). Möglicherweise ist die erhöhte Expression von *EphA1* im Osteosarkom mit der Metastasierung in das Lungengewebe assoziiert.

Es zeigte sich die Tendenz, dass Ephrine gegenüber der nicht-neoplastischen Kontrolle im Osteosarkom aufreguliert vorliegen. Mit Ausnahme von EFNB1 (abreguliert in den Metastasen) und *EphA1* (aufreguliert in den Metastasen) konnten für die weiteren Ephrin Liganden und Rezeptoren keine Unterschiede zwischen Metastase und konventionellem Osteosarkom festgestellt werden. Dies würde die Vermutung bestätigen, dass Ephrine im Osteosarkom hauptsächlich als Onkogene agieren und daher in vielen Entitäten überexprimiert vorliegen.

Im Gegensatz dazu wurde in unserer Microarray Analyse in Riesenzelltumoren gezeigt, dass einige Ephrin Liganden und Rezeptoren abreguliert vorliegen (**Kapitel 5**). Weiterhin gibt es Studien, die eine geringere Expression von Ephrinen und deren Rezeptoren in humanen Karzinomen beschreiben. Beispielsweise konnte EphB4 als abreguliert im Mammakarzinom und EFNA1 sowie EFNA8 als abreguliert im Colonkarzinom und im Glioblastom beschrieben werden (Berclaz et al., 2002; Hafner et al., 2004). Solche geweblich spezifischen Unterschiede werden v. a. an der Aufregulation von *EphA1* in den Metastasen der Osteosarkome verglichen zur Abregulation von *EphA1* in den Rezidiven gegenüber den Riesenzellprimärtumoren deutlich. Eine tumorspezifische Verschiebung des gesamten Eph/EFN-Musters kann daher nicht ausgeschlossen werden und sollte für jede Entität einzeln untersucht werden.

4.3.3 Funktionelle Analyse von EphA2 und EFNA1 im Osteosarkom

EphA2 wird hauptsächlich in adulten humanen Epithelzellen exprimiert, wobei die zelluläre Funktion im normalen Epithel bisher noch unklar ist (Lindberg und Hunter, 1990). Tumor-Modelle lassen eine Rolle dieses Rezeptors in der Regulation von Zellwachstum, Migration und Angiogenese vermuten (Andres et al., 1994; Ganju et al., 1994; Pandey et al., 1994; Pandey et al., 1995; Rosenberg et al., 1997). Eine Überexpression des EphA2-Rezeptors wurde in Geweben und in Zellen von Lungen-, Mamma-, Colon- und Prostatakarzinomen sowie in aggressiven Melanomen gefunden (D'Amico et al., 2001; Easty und Bennett, 2000; Hess et al., 2001; Ogawa et

al., 2000; Rosenberg et al., 1997; Walker-Daniels et al., 1999; Zantek et al., 1999; Zantek et al., 2001; Zelinski et al., 2001).

Der Ligand EFNA1 wurde erstmals in TNF- (*Tumor Necrosis Factor*) stimuliertem Endothel entdeckt (Holzmann et al., 1990). Eine Aufregulation von EFNA1 konnte in Mammakarzinomen sowie in Melanomen detektiert werden, während eine Abregulation in Colon- und Lungenkarzinomen gezeigt wurde (Easty et al., 1999; Fox und Kandpal, 2004; Hafner et al., 2004; Vogt et al., 1998).

4.3.3.1 EFNA1-EphA2-Signalgebung in epithelialen Tumoren

In nicht-transformierten bzw. nicht-neoplastischen Zellen führt die Bindung von EFNA1 an EphA2 zur Autophosphorylierung mit nachfolgender Degradation und Internalisierung des Rezeptors. Dieser Prozess initiiert weitere Signalwege, welche letztendlich das Zellwachstum und die Migration negativ regulieren. Daher liegt EphA2 in normalen Zellen generell phosphoryliert vor, was das geringe EphA2-Niveau in diesen Zellen erklärt, da EphA2 kontinuierlich durch Ligandenbindung aktiviert und abgebaut wird (**Abbildung 40A**). Die Degradation von EphA2 nach Ligandenbindung wird durch c-Cbl vermittelt (Walker-Daniels et al., 2002; Wang et al., 2002). Eine ähnliche negative Regulation vieler Rezeptor-Tyrosinkinasen durch c-Cbl konnte auch anhand von EGFR, PDGFR und Her2 nachgewiesen werden (Klapper et al., 2000; Miyake et al., 1998; Ueno et al., 1997; Waterman et al., 1999).

In verschiedenen epithelialen Tumoren (Blasen-, Colon-, Magen-, Mamma- und Prostatakarzinom) konnte hingegen nachgewiesen werden, dass EphA2 unphosphoryliert vorliegt (Abraham et al., 2006; Dail et al., 2006; Macrae et al., 2005; Nakamura et al., 2005; Noblitt et al., 2004; Potla et al., 2002; Pratt und Kinch, 2002; Walker-Daniels et al., 2002; Zantek et al., 1999; Zelinski et al., 2001). Die fehlende Aktivierung von EphA2 durch seinen Liganden EFNA1 führt so nicht zur Degradation und Internalisierung des Rezeptors. Dadurch wird eine Überexpression von EphA2 induziert, was zur malignen Transformation der Zellen führt (**Abbildung 40B**). Behandelt man solche Zellen mit EFNA1 (Bsp. EFNA1/F_c) oder einem EphA2-Antikörper, führt dies zur Reversion des malignen Phänotyps (Abraham et al., 2006; Brantley et al., 2002; Dobrzanski et al., 2004). Im Gegensatz zu

anderen Rezeptor-Tyrosinkinasen ist die Ligandenbindung für die Tyrosinkinase-Aktivität von EphA2 nicht unbedingt notwendig (Zantek et al., 1999; Zelinski et al., 2001).

Bei manchen Tumoren liegen sowohl EphA2 als auch EFNA1 gemeinsam vor (Blasen-, Magen-, Ovarial- und Vulvakarzinom), während in Mammakarzinomen eine inverse Proportionalität von EFNA1 und EphA2 vorhanden ist (Abraham et al., 2006; Herath et al., 2006; Holm et al., 2006; Macrae et al., 2005; Nakamura et al., 2005). Zurzeit ist noch unklar, warum beide Proteine manchmal in denselben Tumorzellen exprimiert vorliegen und warum in diesen Fällen die Ligandenbindung an EphA2 nicht zur Phosphorylierung und Degradation führt. Eine Möglichkeit ist, dass zwar beide im gleichen Gewebe vorkommen, auf Grund von Änderungen in der Zell-Zell-Adhäsion und/oder Misslokalisierung jedoch nicht miteinander interagieren können. In epithelialen Zellen erfolgt der stabile Zell-Zell-Kontakt durch E-Cadherin. Da EphA2 in nicht-neoplastischen Zellen an den Zell-Zell-Kontaktgrenzen exprimiert wird, kann EFNA1 binden und EphA2 phosphorylieren. In vielen epithelialen Tumoren kommt es durch den Verlust der E-Cadherin-Expression oder Zerstörung der Verbindung zwischen E-Cadherin und dem Aktinzytoskelett zur Senkung der Zell-Zell-Stabilität (Behrens und Birchmeier, 1994; Behrens et al., 1993; Hamaguchi et al., 1993; Kinch und Burridge, 1995; Matsuyoshi et al., 1992; Volberg et al., 1992). Eine inverse Expression von E-Cadherin und EphA2 konnte in Blasen- und Colonkarzinomen nachgewiesen werden (Abraham et al., 2006; Saito et al., 2004). In Mammakarzinom-Zellen, die einen Defekt in der E-Cadherin-Expression aufwiesen, lag EphA2 in „*Membrane Ruffles*“ vor (Zantek et al., 1999). Durch diese Misslokalisierung kann EFNA1 nicht an seinen Rezeptor binden, wodurch die Phosphorylierung fehlt und EphA2 nicht abgebaut wird. Die Re-Expression von E-Cadherin in diesen Zellen führte zum Rearrangement der EphA2-Lokalisierung und damit zur EFNA1-Bindung und Phosphorylierung des Rezeptors. Daher wurde vermutet, dass in malignen Zellen der Zell-Zell-Kontakt nicht richtig funktioniert, sodass EphA2 seinen Liganden nicht mehr binden kann.

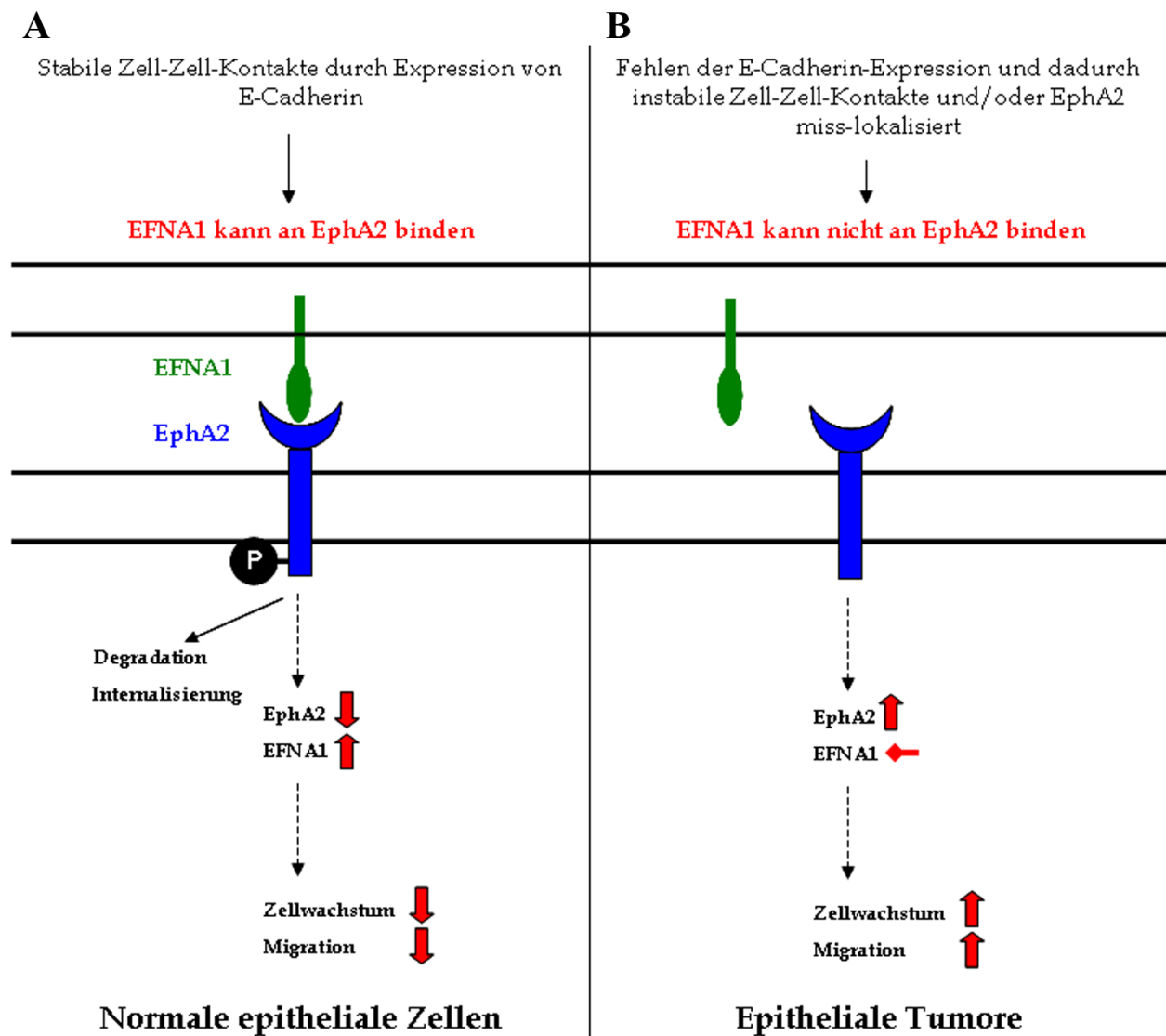


Abbildung 40: A, B: Modell der Auswirkungen der EFNA1-EphA2-Signalübertragung in normalen epithelialen Zellen und epithelialen Tumoren.

A: In nichtneoplastischen epithelialen Zellen führt die Bindung von EFNA1 an EphA2 zur Autophosphorylierung und nachfolgender Degradation und Internalisierung des Rezeptors, was wiederum weitere Signalwege auslöst und letztendlich das Zellwachstum und die Migration negativ beeinflusst. **B:** In den transformierten Zellen epithelialer Tumore liegt EphA2 unphosphoryliert vor, da EFNA1 nicht binden kann. Dadurch wird EphA2 nicht abgebaut und entfaltet sein onkogenes Potential. Dies führt zur positiven Beeinflussung des Zellwachstums und der Migration.

4.3.3.2 EFNA1-EphA2-Signalgebung in mesenchymalen Tumoren

Mittels Microarray und anschließender Validierung konnte die erhöhte Expression von EFNA1 und EphA2 in Osteosarkomen *in vivo* und *in vitro* verglichen zu nicht-neoplastischen Knochenzellen und -geweben bestätigt werden. Während für den EFNA1 Liganden sowohl eine mRNA- als auch eine Protein-Expression in Knochen- und Osteosarkom-Geweben gefunden werden konnte, wurde der EphA2 Rezeptor im normalen Knochen nur auf mRNA-Ebene, nicht aber das EphA2-Protein detektiert. Dem gegenüber steht die hohe Expression von mRNA und Protein im Osteosarkom. Auf Grund posttranslationaler Mechanismen muss die mRNA-Expression nicht zwangsläufig mit dem Protein-Niveau korrelieren. Andere Studien bestätigen die 50-500fach höhere Expression des EphA2-Proteins in malignen Zellen bei vergleichbarem mRNA-Niveau (Zantek et al., 2001; Zelinski et al., 2001). Somit kann vermutet werden dass eine latente mRNA-Expression von EphA2 im Knochen vorliegt. Durch verschiedene Mechanismen kann dann die Translation des EphA2-Proteins ausgelöst werden, was in normalen Osteoblasten einen malignen Phänotyp hervorruft, diese Zellen transformiert und letztendlich zum Osteosarkom führt.

Während der normalen Skelettentwicklung wird EFNA1 im Periost (Knochenhaut), Perichondrium (Knorpelhaut) und in hypertrophen Chondrozyten sowie Osteoblasten exprimiert (Takahashi und Ikeda, 1995). Die Anwesenheit von EFNA1 bei gleichzeitigem Fehlen von EphA2 im fötalen und adulten normalen humanen Knochen lässt vermuten, dass ein permanentes Niveau an EFNA1 mRNA und Protein vom Knochen exprimiert wird und dass dies vermutlich eine Rolle unabhängig der Tumorgenese aufweist (**Abbildung 41A**). Möglicherweise ändert sich jedoch die Funktion von EFNA1, sobald der EphA2 Rezeptor im Zuge der Transformation exprimiert wird. Es könnte auch sein, dass EFNA1 im normalen Knochen an andere Ephrin Rezeptoren bindet und so zu unterschiedlichen Funktionen führt. Beispielsweise konnte mittels RT-PCR eine mRNA-Expression von *EphA3* in HOBc nachgewiesen werden. Die Protein-Expression wurde nicht weiter analysiert, da kein geeigneter Antikörper zur Verfügung stand. Auch ist eine Bindung an die B-Klassen Ephrine *EphB4* oder *EphB6* möglich, da diese in der Array Analyse im Knochen eine Expression über dem Hintergrund zeigten. Dass die

Interaktion zwischen den A- und B-Klassen der Ephrine funktionell sein kann, wurde zuvor schon in der Einleitung erläutert.

Im Osteosarkom liegen EphA2 und EFNA1 gemeinsam exprimiert vor (**Abbildung 41B**). Unklar ist jedoch, ob sie auch miteinander interagieren können. Weiterhin konnten wir bisher noch nicht klären, ob eine Phosphorylierung des EphA2-Rezeptors in Osteosarkomen stattfindet. Interessant war, dass EFNA1 als GPI-verankertes Protein zytoplasmatisch und in einigen Fällen *in vivo* sogar nukleär detektiert werden konnte. Die Möglichkeit, dass in mesenchymalen Tumoren GPI-Proteine nicht richtig synthetisiert werden und daher zytoplasmatisch exprimiert werden, wird in **Kapitel 6.2** diskutiert. Bisher ist auch unklar, ob EFNA1 nicht als GPI-verankertes Protein von der Oberfläche abgespalten wird. Gespaltenes EFNA1 bindet, kann aber in monomerischer löslicher Form nicht zur Autophosphorylierung führen (Davis et al., 1994). Nur das intakte EFNA1-GPI-Protein ist *in vivo* der Lage, durch Zell-Zell-Kontakt mit den Rezeptor-exprimierenden Zellen, eine Tyrosinphosphorylierung von EphA2 auszulösen. Mittels Immunfluoreszenzfärbung wurde bestätigt, dass EphA2 in Osteosarkom-Zelllinien an den Zell-Zell-Kontaktgrenzen und in „*Membrane Ruffles*“ lokalisiert ist. Wie in epithelialen Tumoren kann daher vermutet werden, dass trotz der Koexpression von EphA2 und EFNA1 *in vivo* entweder durch Misslokalisierung beider und/oder durch fehlende Stabilität der Zell-Zell-Kontakte EFNA1 nicht an den Rezeptor binden kann. Ähnlich wie in epithelialen Tumoren konnte im Osteosarkom eine Miss-Expression diverser Cadherine und Catenine nachgewiesen werden (Cheng et al., 1998; Kashima et al., 1999; Kashima et al., 2003; Kawaguchi et al., 1999). Beispielsweise wurde gezeigt, dass Osteoblasten im normalen Knochen viel Cadherin 2 (N-Cadherin), Cadherin 4 (RCadherin) sowie Cadherin 11 (Osteoblasten-Cadherin, OB-Cadherin) exprimieren, während diese im Osteosarkom deutlich geringer vorliegen.

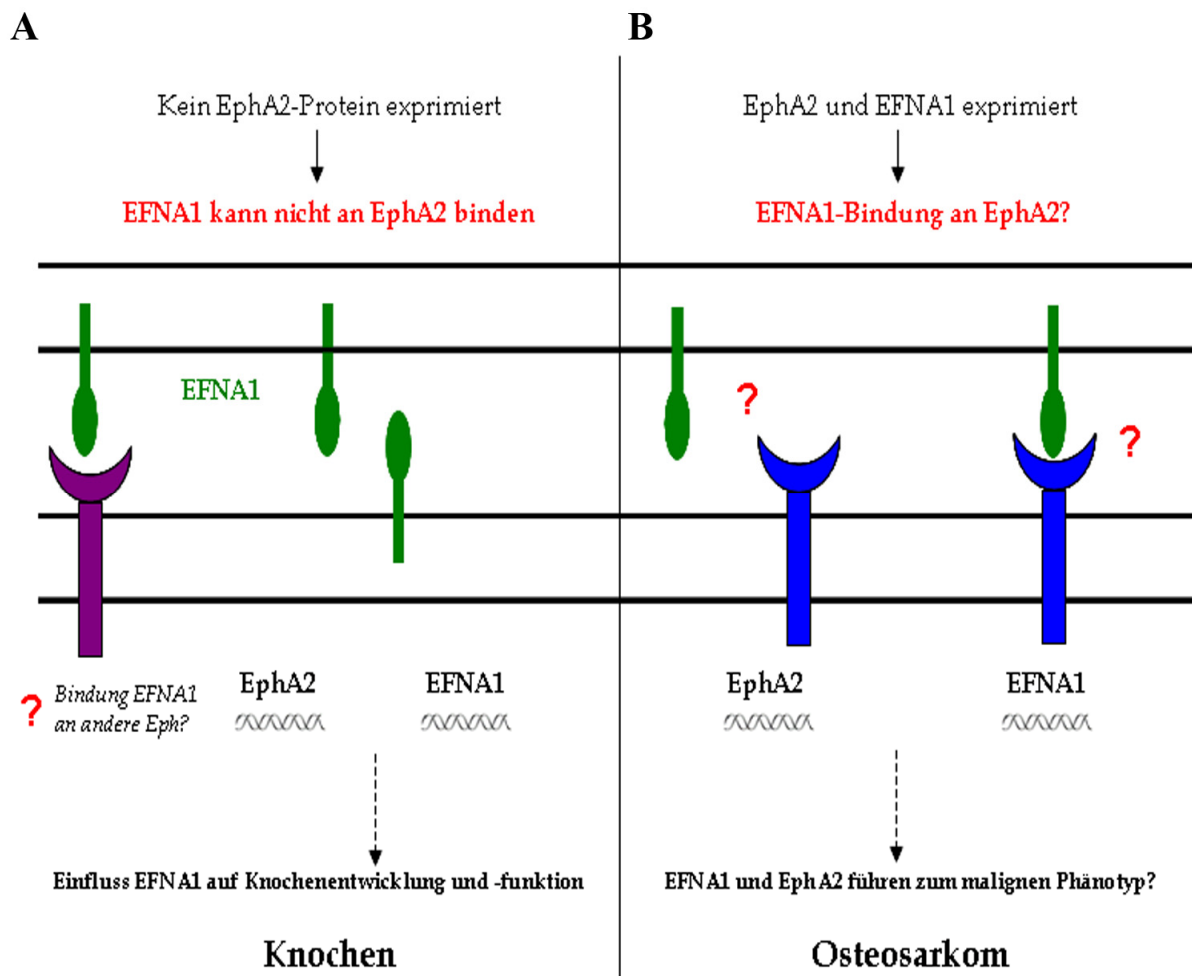


Abbildung 41: A, B: Modell der EFNA1 und EphA2-Expression im Knochen und im Osteosarkom.

A: In normalen Knochenzellen ist kein EphA2-Protein exprimiert. Hingegen zeigt sich eine Expression des EFNA1-Proteins. Die mRNA beider ist jedoch vorhanden. **B:** Im Osteosarkom ist nicht klar, ob EFNA1 und EphA2 *in vivo* interagieren.

Im Osteosarkom sowie in epithelialen Tumoren führte die Zugabe des löslichen EFNA1/F_c Liganden zur Zeit- und Dosis-abhängigen Internalisierung bzw. Degradation von EphA2, was auf die Aktivierung des Rezeptors schließen lässt, jedoch nicht das onkogene Potential erklärt. Entfernt man anschließend EFNA1/F_c aus dem Medium, kann eine Re-Expression von EphA2 in Osteosarkom-Zellen beobachtet werden. Weiterhin konnte durch Zantek *et al.* 1999 und Zelinski *et al.* 2001 gezeigt werden, dass die Ligandenbindung für die EphA2-Tyrosinkinaseaktivität nicht unbedingt notwendig ist. Vielmehr reguliert der Ligand die subzelluläre

Lokalisation von EphA2 und seine Interaktion mit Adaptor- und Signalmolekülen (Miao et al., 2000; Pandey et al., 1994; Pandey et al., 1995; Pratt und Kinch, 2002; Walker-Daniels et al., 2002). Um eindeutige Aussagen über die Phosphorylierung von EphA2 treffen zu können, müsste eine Immunpräzipitation von EphA2 mit anschließender Überprüfung der Phosphorylierung mittels geeigneter anti-PY-Antikörper durchgeführt werden. Ein interessanter Aspekt ist, dass LMW-PTP (*Low-Molecular-Weight Protein Tyrosine Phosphatase*) mit EphA2 interagiert und den Rezeptor de-phosphoryliert (Chiarugi et al., 2004; Kikawa et al., 2002; Parri et al., 2005). LMW-PTP ist in vielen malignen Zellen überexprimiert und übt eine hochgradig onkogene Funktion aus (Chiarugi et al., 2004; Kikawa et al., 2002). Besonders in den Tumorzellen, die das höchste Niveau an unphosphoryliertem EphA2 aufweisen, findet man einen hohen Anteil an LMW-PTP (Kikawa et al., 2002). Leider ist LMW-PTP auf dem Affymetrix HG U133A Chip nicht vertreten. Es wäre jedoch sinnvoll zu testen, ob diese Phosphatase im Osteosarkom exprimiert wird und welche Auswirkungen diese Expression auf den Phosphorylierungsstatus von EphA2 ausübt.

Im Unterschied zu den meisten bisherigen Studien in epithelialen Tumoren konnte im Osteosarkom nach Ligandenbindung an EphA2 eine transiente Aktivierung des MAPK-Signalweges (P-Mek und P-Erk) festgestellt werden. Weiterhin wurde eine Erhöhung des mRNA-Niveaus von EFNA1 nach Zeitabhängiger Zugabe des EFNA1/Fc-Liganden beobachtet. Eine Änderung der EphA2mRNA wurde nicht detektiert. Dies liegt vermutlich daran, dass in diesem Experiment eine sehr hohe Zellzahl eingesetzt wurde. Die Dichte-abhängige Erhöhung des EphA2-Proteins konnte anhand von Osteosarkom-Zellen gezeigt werden. Wir vermuten daher, dass der Ausgangs-mRNA-Wert bei den unbehandelten Zellen schon so hoch ist, dass Unterschiede in der Expression mittels Standard RT-PCR nicht dargestellt werden können. Eine weitere Überprüfung dieses Experimentes mit einer geringeren Zellzahl ist erforderlich, um sicherzustellen, ob nicht doch eine Erhöhung der mRNA-Expression stattfindet. Macrae et al. 2005 zeigten, dass EphA2 ein direktes transkriptionelles Zielgen des Raf/MAPK-Signalweges ist. Im Osteosarkom konnte bestätigt werden, dass sowohl EphA2 als auch EFNA1 transkriptionelle Zielgene des

MAPK-Signalweges darstellen. Blockiert man die Mek-Aktivität durch den Inhibitor U0126, wurde P-Erk auf Protein-Ebene gesenkt. Gleichzeitig reduzierten sich die Protein- und mRNS-Niveaus von EphA2 sowie die mRNS von *EFNA1*. Einige Fragen bleiben in diesem Zusammenhang jedoch noch offen. Wenn die Ligandenbindung an EphA2 zur Aktivierung des MAPK-Signalweges und zur Erhöhung der mRNS-Expression von EphA2 führt, wieso kann dann eine dauerhafte Suppression von EphA2 unter Ligandeneinfluss gezeigt werden? Eine mögliche Erklärung könnten die analysierten Zeitpunkte darstellen. Der EphA2-Protein-Status wurde zwischen 2min und 4h und anschließend nach 24h-72h überprüft. Geht man von einer transient zyklischen Aktivierung von P-Erk aus (Erhöhung P-Erk nach 30min und 60min sowie nach 24h und 48h), kann es zeitverzögert auch zu einer zyklischen Expression von EphA2 kommen, da EphA2 ein Zielgen des MAPK-Signalweges darstellt. Daher sollte die EphA2-Expression in kürzeren Abständen analysiert werden.

Im Gegensatz zu *Miao et al. 2001* zeigten *Pratt und Kinch 2002*, dass in Mamma- und Prostatakarzinom-Zelllinien durch EphA2-Aktivierung die MAPK-Aktivität transient erhöht wird. *Macrae et al. 2005* und *Parri et al. 2005* hingegen detektierten eine Suppression der MAPK-Aktivität nach Ligandenbindung an EphA2. Warum diese unterschiedlichen Analysen in epithelialen Tumoren zustande kommen, ist bisher ungeklärt. EFNA1/F_c kann jede der acht EphA-Kinasen stimulieren (Pasquale, 1997). Lediglich *Pratt und Kinch 2002* benutzen zusätzlich EphA2-spezifische monoklonale Antikörper, um ihre Daten zu bestätigen. Die anderen erwähnten Studien detektierten die Senkung der MAPK-Aktivität nur durch Zugabe von EFNA1/F_c, was durchaus auf der Stimulierung anderer EphA-Rezeptoren beruhen kann. Gerade in Prostatakarzinom-Zellen konnte eine Vielzahl an Eph-Rezeptoren detektiert werden. Da auch wir im Osteosarkom die Expression von EphA1-5 zeigen konnten, sind weitere Experimente mit einem EphA2-spezifischen monoklonalen Antikörper notwendig, um die von uns erstellten Daten hinsichtlich der EphA2Spezifität zu verbessern.

Die Expression und Degradation des Oberflächenrezeptors EphA2 in serumhaltigen Medien wurde in den vorangegangenen Analysen bestätigt. Da bekannt ist, dass

fötales Kälberserum Wachstumsfaktoren enthält, die den MAPK-Signalweg beeinflussen können, wurde zusätzlich untersucht, ob die Expression von EphA2 durch Serumfaktoren beeinflusst wird. Auch unter Serumentzug konnte eine Stimulierung der Erk-Aktivität bei gleichzeitiger Suppression von EphA2 durch Zugabe des Liganden bestätigt werden. Dies deutet darauf hin, dass der lösliche Ligand allein in der Lage ist, den MAPK-Signalweg über die Bindung an den Rezeptor EphA2 zu stimulieren. Dieser Vorgang wird jedoch durch Serumfaktoren zusätzlich verstärkt, was auf eine mögliche Interaktion des EphA2-EGFR-Signalweges mit anderen Komponenten (Bsp. EGF/EGFR) schließen lässt.

Tyrosin-phosphoryliertes EphA2 kann mit einer Vielzahl von Adaptor- und Signalmolekülen (zum Beispiel PI3K, SHC, SHP2 und SLAP) interagiert (Miao et al., 2000; Pandey et al., 1995; Pandey et al., 1994). *In vivo* konnte gezeigt werden, dass die PI3Kinase mit EphA2 interagiert bzw. dass durch EGFR-Bindung an EphA2 die PI3K-Aktivität stimuliert wird (Pandey et al., 1994). Der PI3K/Akt-Signalweg ist in den Prozess der Apoptose involviert, indem anti-apoptotische Signale überexprimiert und pro-apoptotische Signale unterdrückt werden. Im Osteosarkom wird nicht nur der Ras/Raf-Signalweg beeinflusst, sondern es findet auch eine Aktivierung des Ras/PI3K-Signalweges statt. Eine Aktivierung von Akt konnte nach Bindung des löslichen Liganden EGFR/Fc an den EphA2-Rezeptor beobachtet werden. Eine Interaktion beider Signalwege ist daher nicht auszuschließen und sollte auch im Bezug auf therapeutische Ansatzpunkte weiter analysiert werden.

Ein Zielgen der EGFR-EphA2-vermittelten Aktivierung von Erk ist der Transkriptionsfaktor cJun. Der MAPK-Signalweg sowie der c-Jun N-terminal Kinase (JNK) Signalweg sind in die maligne Transformation involviert (Chang und Karin, 2001; Whitmarsh und Davis, 1996). Die JNK-Signalgebung reguliert die Knochenformation und ist an der Entwicklung von skelettalen Neoplasien beteiligt. Beispielsweise wurde gezeigt, dass der JNK-Signalweg an der Osteoblastenproliferation und Osteoblastendifferenzierung mitwirkt (Hipskind und Bilbe, 1998; Liu und Shuai, 2001; Suzuki et al., 2002). Die Isoformen von JNK (JNK1 und JNK2) werden durch MAPKinasen phosphoryliert und aktivieren so die Transkription von Jun (cJun, vJun, JunB, JunD) und Fos (cFos, vFos, FosB, Fra1, Fra2)

(Angel und Karin, 1991; Karin, 1995; Karin, 1996; Kyriakis et al., 1994; Papavassiliou et al., 1995; Vogt und Bos, 1990; Whitmarsh und Davis, 1996). Die aktivierten Jun-Homodimere und/oder Heterodimere mit Fos generieren den AP1-Komplex (*Activator Protein 1*), welcher an spezifische DNS-Sequenzen der Zielpromotoren bindet und die Transkription diverser Gene reguliert (Angel und Karin, 1991; Whitmarsh und Davis, 1996).

In der Osteosarkom-Microarray Studie konnte gezeigt werden, dass *FosB* ($p=0,0355$) und *cFos* ($p=0,0063$) in den Metastasen deutlich aufreguliert gegenüber den konventionellen Osteosarkomen und HOBc vorliegen. Auch eine starke Aufregulation von *cJun* (3,8fach) in den konventionellen Osteosarkomen gegenüber HOBc bzw. in den Metastasen wurde detektiert. *JunD* konnte als abreguliert in den konventionellen Osteosarkomen gegenüber HOBc gezeigt werden. Jedoch liegt es aufreguliert im Vergleich der Metastasen mit den konventionellen Subtypen (5,8fach) vor. Die höhere Expression von *JunD* in HOBc ist nicht verwunderlich, da JunD und Fra1 die Hauptkomponenten des AP1-Komplexes in ausdifferenzierten Osteoblasten (vergleichbar der Osteoblasten-Primärkultur HOBc) darstellen (McCabe et al., 1995). Sie sind somit an der Differenzierung der Osteoblasten-Vorläufer beteiligt. Im Osteosarkom scheint sich die Funktion von JunD (beispielsweise durch Bildung anderer AP1-Komplexe wie JunD/FosB) zu ändern, da es in den Metastasen gegenüber den konventionellen Subtypen aufreguliert wird und somit wahrscheinlich an der Entwicklung der Metastasen beteiligt ist. Die erhöhte Expression der Transkriptionsfaktoren Jun und Fos deutet vermutlich auf eine erhöhte AP1-Aktivität im Osteosarkom hin, welche v. a. im Prozess der Metastasierung eine Rolle spielt. Ob AP1 die Transkription von EFNA1 und EphA2 reguliert, sollte weiter untersucht werden.

Studien an cFos und cFos/cJun transgenen und „knockout“ Mäusen haben gezeigt, dass ein kritischer Schwellenwert der AP1-Aktivität notwendig ist, um die Osteosarkom-Bildung auszulösen (Grigoriadis et al., 1993; Wang et al., 1995). Zusätzlich konnte die Bildung von Osteosarkomen in transgenen Mausmodellen gezeigt werden, welche eine erhöhte N-terminale cJun-Phosphorylierung an den Serin-Resten 63 und 73 durch JNK's aufweisen (Behrens et al., 2000). cFos, cJun, P-

cJun, JNK1, JNK2, pJKN und cFos werden im Knochen nicht exprimiert, während ihre Expression im Osteosarkom detektiert wurde (Franchi et al., 1998; Grigoriadis et al., 1993; Papachristou et al., 2003). Mittels Western blot konnten wir zeigen, dass in den Osteosarkom-Zelllinien HOS und MNNG/HOS aktiviertes phosphoryliertes cFos vorliegt. Die Überexpression und Phosphorylierung von Fos führt zur erhöhten Proliferation und Transformation der Osteoblasten, was letztendlich zur Osteosarkombildung führt. Phosphoryliertes cJun konnte in unbehandelten HOS-Zellen nicht detektiert werden, während in der maligneren Zelllinie MNNG/HOS ein hohes Niveau an aktiviertem phosphoryliertem Jun vorlag. Die EFNA1-EphA2-vermittelte Aktivierung von Erk führte zur Aktivierung von cJun in HOS, während P-cFos unbeeinflusst blieb. Wir vermuten daher, dass in malignen Osteosarkom-Zellen eine erhöhte Aktivität des Jun/Fos-AP1-Komplexes im Vergleich zu nicht-neoplastischen Zellen vorliegt, welche durch die Aktivierung der MAP-Kinasen weiter verstärkt wird. Ob dies auch zur Transkription von EphA2, welches ein transkriptionelles Zielgen des MAPK-Signalweges ist, führt, sollte genauer untersucht werden.

Zusätzlich wurde die Aktivierung des Transkriptionsfaktors Elk1 im Osteosarkom nachgewiesen. Die Liganden-vermittelte Stimulation des EphA2-Rezeptors führt das Signal zum Nukleus. Anschließend wird die Transkription von Elk1 induziert. Dies konnte zuvor schon von *Pratt und Kinch 2002* in Mammakarzinom-Zelllinien gezeigt werden. Die Induktion von Elk1 durch Erk-Stimulierung kann positive und negative Funktionen in der Zellproliferation sowie Zelldifferenzierung ausüben (Brunet et al., 1995; Clarkson et al., 1999; Davis, 1995; Lin et al., 1997; Macleod et al., 1992; Townsend et al., 1999; Treisman, 1994; Vanhoutte et al., 2001). Inwiefern die Aktivierung von Elk1 die Transkription von EphA2 beeinflusst, sollte genauer untersucht werden. Beispielsweise könnte ein Elk1-Expressionskonstrukt in Osteosarkom-Zellen transfiziert werden, wodurch der EphA2-Promotor angeschaltet und EphA2 exprimiert wird. Wird EphA2 transkriptionell über Elk1 gesteuert, müsste in den transfizierten Zellen auch die Expression von EphA2 zunehmen.

Zusammenfassend können für die mesenchymalen Osteosarkome einige neue Erkenntnisse festgestellt werden (**Abbildung 42**):

- 1.) Vermutlich führt EFNA1/F_c zur Zeit-abhängigen Tyrosinphosphorylierung von EphA2.
- 2.) Unter EFNA1/F_c-Einfluss kommt es zur Zeit- und Dosis-abhängigen Suppression sowie Internalisierung des EphA2-Proteins. EphA2 wird jedoch re-exprimiert, sobald kein löslicher Ligand mehr im Überschuss vorhanden ist.
- 3.) Sowohl der Erk- als auch der Akt-Signalweg werden durch die Zugabe von EFNA1/F_c transient positiv beeinflusst.
- 4.) EFNA1 und EphA2 sind vermutlich direkte transkriptionelle Zielgene des MAPK-Signalweges. Nach Ligandenbindung wird die mRNS-Expression von *EFNA1* erhöht.
- 5.) Die unterhalb des Ras/MAPK-Signalweges liegenden Transkriptionsfaktoren cJun und Elk1 werden durch den löslichen Liganden EFNA1/F_c aktiviert.
- 6.) Im Osteosarkom liegen EphA2 und EFNA1 überexprimiert vor. Durch die Bindung von EFNA1/F_c wird vermutlich ein positiver Mechanismus ausgelöst, wodurch der MAPK-Signalweg aktiviert wird, was wiederum die Transkription und Translation von EphA2 und EFNA1 fördert. Ob diese Interaktion *in vivo* genauso verläuft, muss weiter analysiert werden.

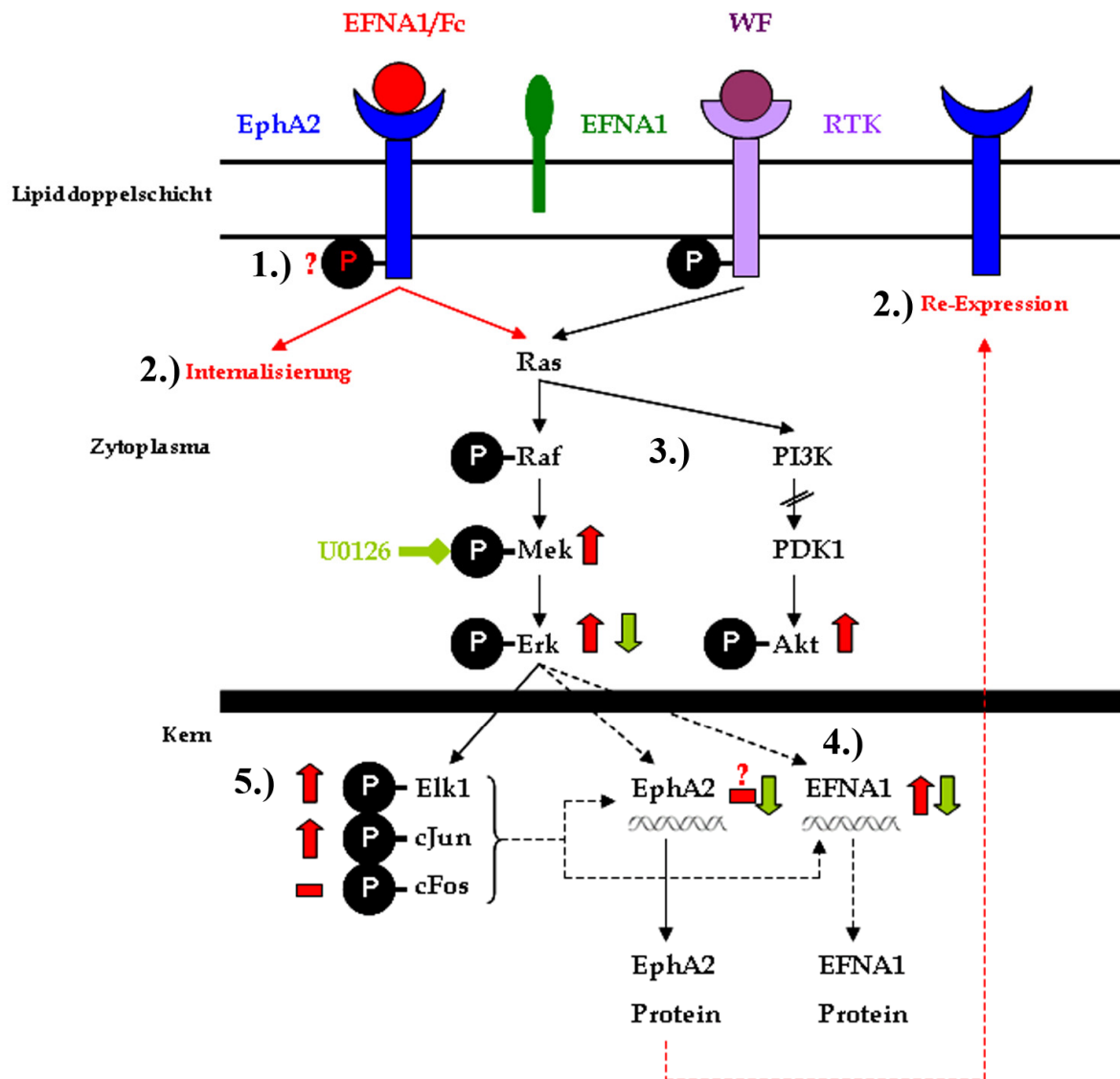


Abbildung 42: Modell der möglichen Auswirkungen der EFNA1-EphA2-Signalübertragung in Osteosarkomen.

Rote Pfeile und Linien: Auswirkungen durch EFNA1/Fc-Ligandenbindung an EphA2. Grüne Pfeile: Auswirkungen der U0126-Behandlung. Gestrichelte schwarze Linien: Die direkte Interaktion wurde noch nicht bestätigt. RTK: Rezeptor-Tyrosinkinase. WF: Wachstumsfaktor.

4.3.3.3 Einfluss der EFNA1-EphA2-Bindung auf die Proliferation

In epithelialen Tumoren wurde festgestellt, dass die Liganden-vermittelte Aktivierung von EphA2 das Tumorstadium, die Migration und die Invasivität negativ beeinflussen (Abraham et al., 2006; Duxbury et al., 2004; Duxbury et al., 2004;

Macrae et al., 2005; Miao et al., 2000; Miao et al., 2001; Nakamura et al., 2005; Noblitt et al., 2004; Potla et al., 2002; Zantek et al., 1999; Zelinski et al., 2001). Beispielsweise konnte durch Stimulierung von Tumorzellen mit EFNA1/F_c bzw. durch Transfektion der Zellen mit EFNA1 die Tumorzellkoloniebildung in Soft Agar reduziert werden (Carles-Kinch et al., 2002; Macrae et al., 2005; Noblitt et al., 2004; Zelinski et al., 2001).

Im Osteosarkom hingegen scheint der EphA2-EFNA1-Signalweg eine onkogene Rolle zu spielen. Mittels *in vitro* MTT-Assays wurde sowohl eine Ankerabhängige als auch Anker-unabhängige Steigerung der proliferierenden Zellen in stark EphA2-exprimierenden Zellen nach Liganden-Bindung gezeigt. Auch die Überexpression von EphA2 in gering Rezeptor-exprimierenden Zellen bewirkte im 2D-Assay eine Erhöhung der Proliferation.

4.3.3.4 Einfluss der EFNA1-EphA2-Bindung auf FAK

In PC-3 Prostatakarzinom-Zellen ist EphA2 mit FAK (*Focal Adhesion Kinase*) *in vivo* assoziiert (Miao et al., 2000). Nach EFNA1-Bindung wird EphA2 aktiviert, FAK jedoch dephosphoryliert (Miao et al., 2000). Morphologisch führt dies zu einer transienten Abrundung und Ablösung der Zellen (Miao et al., 2000). Die EphA2-Aktivierung durch den EFNA1 Liganden kann daher den EphA2-FAK-Komplex zerstören und die Integrin-vermittelte Zelladhäsion, Ausbreitung und Migration inhibieren (Miao et al., 2000).

Wie bereits bei Carter et al. 2002 anhand von fibroblastären Zellen beschrieben, unterscheiden sich die Auswirkungen der Liganden-vermittelten EphA2-Signalweiterleitung in epithelialen und mesenchymalen Zellen (Carter et al., 2002). In Fibroblasten und im Osteosarkom konnte nur eine geringe Kolo-kalisation von FAK bzw. P-FAK und EphA2 gezeigt werden. Auch wurde in den fibroblastären NIH3T3-Zellen sowie in HOS und MNNG/HOS Osteosarkom-Zellen keine Ablösung und Abrundung der Zellen sowie Senkung der Zelladhäsion bei gleichzeitiger Verminderung der FAKPhosphorylierung beobachtet. Auch ein negativer Einfluss auf das Wachstum konnte ausgeschlossen werden. Vermutlich bleibt FAK im Osteosarkom nach Bindung des EFNA1-Liganden phosphoryliert, interagiert an den fokalen Adhäsionspunkten mit EphA2 und übt so in Kombination mit der Erhöhung

der MAPK-Aktivität via EFNA1-Bindung an EphA2 einen positiven Einfluss auf den MAPK-Signalweg aus, wodurch die Erhöhung des proliferativen Verhaltens in Osteosarkom-Zellen zu erklären wäre.

FAK spielt auch eine wichtige Rolle in der Regulierung der MMP2-Expression (Sein et al., 2000; Zhang et al., 2002). Eine erhöhte Invasivität und die Erhöhung des metastatischen Potentials durch EphA2-Überexpression sind mit einem erhöhten P-FAK- und MMP2-Niveau *in vivo* assoziiert (Duxbury et al., 2004). Die Bindung von EFNA1 induziert die proteosomale Degradation von EphA2 und supprimiert den invasiven Phänotyp, moduliert die FAK-Signalgebung und führt so zur Senkung der MMP2-Expression in Pankreasadenokarzinom-Zellen (Duxbury et al., 2004). Die Matrix Metalloproteinasen MMP9 und MMP13 liegen im Osteosarkom im Vergleich zur Kontrolle aufreguliert vor. Im Rahmen der Überprüfung von Wachstumseinflüssen des EFNA1-Liganden im Osteosarkom sollte daher die Expression der MMP's und deren Interaktion mit FAK zusätzlich analysiert werden.

4.3.4 Therapeutische Ansatzpunkte

Die Überexpression von EphA2 stellt diesen Rezeptor als gutes Ziel für die Behandlung von epithelialen Tumoren dar. Die EFNA1-EphA2-Bindung reduziert das Tumorstadium in Fibroblasten sowie in Mamma-, Prostata-, Magen- und Colonkarzinomen (Miao et al., 2001; Potla et al., 2002; Pratt und Kinch, 2002; Zelinski et al., 2001)pr(Macrae et al., 2005; Nakamura et al., 2005; Noblitt et al., 2004; Parri et al., 2005). Ähnliches konnte durch Zugabe Liganden-bindender Agenzien dargestellt werden, welche die EphA2-Signalweiterleitung blockierten (Brantley et al., 2002; Dobrzanski et al., 2004). Moleküle, wie die extrazelluläre Domäne von EFNA1, kurze Peptide, die EphA2 binden, und Antikörper gegen EphA2 werden derzeit als therapeutische Möglichkeiten für die Behandlung von epithelialen Tumoren untersucht (Brantley et al., 2002; Coffman et al., 2003; Koolpe et al., 2002). Auch adenoviral eingefügte EFNA1Liganden in EphA2-überexprimierende Tumorzellen sind in der Lage, das Wachstum von Blasenkarzinom-Zellen zu senken (Abraham et al., 2006). Coffman et al. 2003 zeigten, dass antagonistische EphA2 Antikörper in

MDA-MB-231 und A549 Zellen sowie *in vivo* das Tumorwachstum inhibieren. Eine neue Studie von Kiewlich *et al.* 2006 zeigte, dass der EphA2-Antikörper 1G9-H7 (ähnlich EFNA1/F_c) in der Lage ist, EphA2 zu phosphorylieren und abzubauen (Kiewlich *et al.*, 2006). Eine Reduktion des Tumorwachstums konnte jedoch *in vivo* nicht bestätigt werden. Diese Daten demonstrieren, dass der 1G9-H7-Antikörper den Tumor erreicht und EphA2 abbaut, jedoch ein hohes Niveau an EphA2 nicht essentiell für das MDA-MB-231 Tumorwachstum ist.

Auf Grund der völlig anderen Situation in mesenchymalen Tumoren könnte die Zugabe von EFNA1/F_c verheerende Folgen haben, da im Osteosarkom durch Ligandenstimulation eine Erhöhung der Proliferation festgestellt werden konnte. Weiterführende Studien sind daher notwendig, um den Einfluss von EFNA1/F_c *in vivo* auf Osteosarkome zu untersuchen

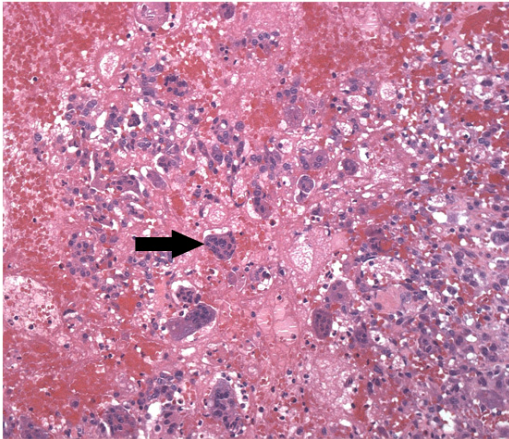
5 Microarray Analyse in Riesenzelltumoren

5.1 Ergebnisse

5.1.1 Microarray Analyse

Um Gene zu ermitteln, die eine wichtige Rolle in der Entstehung und Entwicklung von Riesenzelltumoren spielen könnten, wurden sechs primäre Riesenzelltumore und zwei Rezidive mittels Microarray Technik untersucht. Bisher ist noch kein nicht-neoplastisches Gewebe als Gegenstück zum Riesenzelltumor gefunden worden. Zwischen der periprothetischen Membran vom abriebinduziertem Typ und Riesenzelltumorgewebe besteht eine hohe Ähnlichkeit im histologischen Bild, gekennzeichnet durch das Auftreten von multinukleären Riesenzellen (**Abbildung 43**). Die multinukleären Riesenzellen im abriebinduzierten Gewebe sind von makrozytärer Abstammung, während der Ursprung der multinukleären Riesenzellen im Riesenzelltumor bisher noch ungeklärt ist. Weiterhin spielt bei beiden Formen die Destruktion des Knochens eine große Rolle (Guenther et al., 2005; Gunther et al., 2005). Daher wurden als Kontrollgewebe zwei abriebinduzierte Fälle verwendet. Die Hybridisierung der HG U133A Chips erfolgte durch Frau Dr. Ute Ungethüm im LFGC (Labor für funktionelle Genomforschung, Universitätsklinikum Charité Berlin). Die Auswertung der Daten wurde in Zusammenarbeit mit Herrn Dr. Ralph-Jürgen Kuban (LFGC) vorgenommen.

Periprothetische Membran



Riesenzelltumor

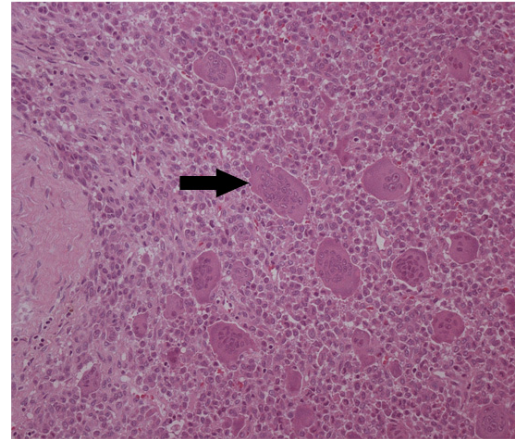


Abbildung 43: Histologisches Bild einer abriebinduzierten periprothetischen Membran (links) und eines Riesenzelltumors (rechts).

Beide sind gekennzeichnet durch das Auftreten von multinukleären Riesenzellen (Pfeile) und monozytären Zellen. Hämatoxilin-EosinFärbung. 200fach vergrößert.

5.1.1.1 Hierarchische Musterbildungen

Die Analyse der Daten ergab eine sehr große Heterogenität im Genexpressionsprofil der Primär- und Rezidivtumore (**Abbildung 44**). Vergleicht man die Expressionswerte der Kontrolle mit denen der Riesenzelltumore unter der Bedingung, dass in mindestens einem Experiment eine Expression über 1.000 bestehen muss, konnten 14.083 Gene als differentiell exprimiert detektiert werden. Die Musterbildung (hierarchisches Clustering) dieser Gene zeigte, dass beide Kontroll-Fälle (AB47 und AB254) sowie die Rezidivtumore (RT2 und RT12) in jeweils einem Baum zusammenhängen. Die Gemeinsamkeiten zwischen AB47 und AB254 sowie RT2 und RT12 sind im Genmuster anhand der hoch exprimierten (rot) und niedrig exprimierten (blau) Gene zu erkennen. Eine eindeutige Abgrenzung gegenüber den Primärtumoren erfolgte jedoch nicht. In großer Nähe zu den abriebinduzierten Proben stehen die Primärtumore PT1, PT6 und PT13, während PT3, PT4 und PT5 zusammen mit den rezidiven Subtypen RT2 und RT12 dargestellt werden.

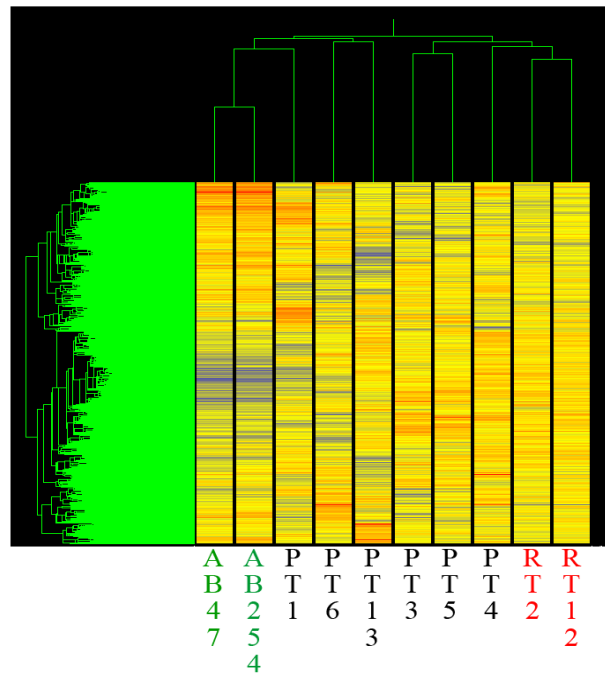


Abbildung 44: Systematische Mustererkennung aller differentiell exprimierten Gene.

Verglichen wurden abriebinduzierte Gewebe (AB47, AB254) gegenüber Riesenzelltumoren (Primärtumore: PT1, PT3, PT4, PT5, PT6, PT13. Rezidivtumore: RT2, RT12.).

5.1.1.2 Unterschiede im Genexpressionsprofil zwischen Primär- und Rezidivtumoren

Auf Grund der Tatsache, dass derzeit noch kein nicht-neoplastisches Gegenstück zum Riesenzelltumors bekannt ist, waren wir nicht sicher, ob die Wahl der abriebinduzierten Membran als Kontrolle für weitere Untersuchungen sinnvoll ist. Die histologische Gemeinsamkeit der vorhandenen mononukleären Komponente und der multinukleären Riesenzellen ist gegeben, jedoch gibt es keinen Nachweis für einen gemeinsamen Ursprung. Um nicht das Risiko einzugehen, Datensätze zu generieren, die auf falschen biologischen Annahmen beruhen, wurden in der nachfolgenden Analyse die Kontrollgewebe AB47 und AB254 nicht weiter betrachtet. Stattdessen analysierten wir nur die Unterschiede im Genexpressionsprofil zwischen Primär- und Rezidivtumoren. Damit trotz der großen Heterogenität innerhalb der

Genexpressionsprofile beider Gruppen weitere Analysen vorgenommen werden können, wurden die Mittelwerte aus den Subtypen Primärtumor und Rezidiv benutzt. Die daraus resultierenden „*change fold*“ Werte der analysierten Gene sind dadurch sehr niedrig. Weiterhin können durch diese Art der Auswertung viele Gene, die im Bezug auf Entstehung und Progression von Riesenzelltumoren von Bedeutung sein könnten, verloren gehen. PT13 wurde aus der Analyse herausgenommen, da dieser anhand seiner niedrigen Expressionswerte und der Auswertung von Dr. Ralph-Jürgen Kuban vermutlich eine Degenerierung der RNS aufwies und so zu verfälschten Ergebnissen führen würde.

Insgesamt wurden 3.203 Gene als signifikant differentiell exprimiert im Riesenzelltumor bewertet. Davon waren beim Vergleich der Primärtumoren gegenüber den Rezidiven 1.467 Gene abreguliert (**Anhang Tabelle 58**) und 1.736 Gene aufreguliert (**Anhang Tabelle 59**). Alle Gene hatten einen „*change fold*“ über 1,3 und zeigten relative Expressionswerte oberhalb von 700. Die funktionelle Analyse der abregulierten Gene mittels DAVID (1.329 DAVID-Identitäten) ergab 41 Gengruppen. 425 Gene konnten nicht zugeordnet werden. Bei den aufregulierten Genen wurden ebenfalls 41 Gengruppen gefunden, wobei 1.566 DAVID-Identitäten berücksichtigt wurden und 975 Gene nicht zugeordnet werden konnten. **Tabelle 39** zeigt die wichtigsten Gruppen beider Analysen mit jeweils mehr als 10 Genen pro Muster.

Tabelle 39: Funktionelle Gengruppenanalyse der auf- und abregulierten Gene in den Rezidivtumoren (RT) verglichen zu den Primärtumoren (PT).

Gruppe „aufreguliert in RT vs. PT“	Gene
Membranproteine	305
Nukleäre Proteine	244
Proteinmetabolismus, -transport, -lokalisation	111
Kinasen	76
Proteasen	50
Ionenbindung, Elektronentransport	39
RNS-Bindung	31
Zytokine	16
GTP-Bindung	16

Gruppe „aufreguliert in RT vs. PT“	Gene
Zellzyklus	13
Kollagene	11
Ionenbindung, -transport	111
Proteinkinaseaktivität	52
RNS-Bindung	39
Proteinmetabolismus, -transport, -lokalisation	36
Ubiquitin-Signalweg	33
Proteasen	30
Signaltransduktion	26
DNS-Bindung	24
Zell-Zell-Adhäsion	22
ATPase Aktivität	20
Golgi-proteine, Glykoproteine	19
Transkription	19
Immunantwort	17
GTP-Bindung	13
Phosphorylierung	13
Membranproteine	11

5.1.1.2.1 Abregulierte Gene in den Rezidiven vs. Primärtumoren

Insgesamt konnten 62 Gene mit einem „*change fold*“ von über 2fach als abreguliert in den Rezidiven gegenüber den primären Riesenzelltumoren ermittelt werden (Tabelle 40). Darunter befanden sich hauptsächlich Gene, die mit immunregulatorischen Prozessen zusammenhängen, sowie zur Klasse der Chemokine und Tyrosinkinasen zählen.

Tabelle 40: Mindestens 2fach abregulierte Gene in Riesenzelltumor Rezidiven vs. Primärtumoren.

ID	cf	Gen
213831_at	7,76	Major histocompatibility complex, class II, DQ alpha 1
211144_x_at	5,19	T cell receptor gamma locus
209813_x_at	4,04	T cell receptor gamma locus
204846_at	3,75	Ceruloplasmin (ferroxidase)
202203_s_at	3,69	Autocrine motility factor receptor (AMFR)
221671_x_at	3,59	Immunoglobulin kappa constant
213479_at	3,21	Neuronal pentraxin II
221261_x_at	3,09	MAGE-E1 protein

ID	cf	Gen
204661_at	3,08	CDW52 antigen (CAMPATH-1 antigen)
205792_at	2,99	WNT1 inducible signaling pathway protein 2
206407_s_at	2,87	Small inducible cytokine subfamily A (Cys-Cys), member 13
205226_at	2,74	Platelet-derived growth factor receptor-like
202936_s_at	2,63	SRY-box 9 (campomelic dysplasia, autosomal sex-reversal)
203435_s_at	2,62	Membrane metallo-endopeptidase (CD10)
201117_s_at	2,60	Carboxypeptidase E
217143_s_at	2,58	T cell receptor delta locus
200953_s_at	2,54	Cyclin D2
203523_at	2,53	Lymphocyte-specific protein 1
206560_s_at	2,51	Melanoma inhibitory activity
219607_s_at	2,50	Membrane-spanning 4-domains, subfamily A, member 4A
218730_s_at	2,46	Osteoglycin (osteoinductive factor, mimecan)
204379_s_at	2,44	Fibroblast growth factor receptor 3 (FGFR3)
205856_at	2,38	Solute carrier family 14 (urea transporter), member 1
202075_s_at	2,37	Phospholipid transfer protein
205206_at	2,32	Kallmann syndrome 1 sequence
218105_s_at	2,32	Mitochondrial ribosomal protein L4
201785_at	2,31	Ribonuclease, RNase A family, 1 (pancreatic)
205639_at	2,28	Acyloxyacyl hydrolase (neutrophil)
208871_at	2,28	Dentatorubral-pallidoluysian atrophy (atrophin-1)
203305_at	2,26	Coagulation factor XIII, A1 polypeptide
206070_s_at	2,25	EphA3
207722_s_at	2,25	BTB (POZ) domain containing 2
205392_s_at	2,23	Small inducible cytokine subfamily A (Cys-Cys), member 14
210790_s_at	2,22	SAR1 protein
208255_s_at	2,20	FK506-binding protein 8 (38kD)
221317_x_at	2,18	Protocadherin beta 6
1438_at	2,17	H.sapiens HEK2 mRNA for protein tyrosine kinase receptor
217193_x_at	2,14	Immunoglobulin lambda locus
204042_at	2,13	WAS protein family, member 3
209541_at	2,13	Insulin-like growth factor 1 (somatomedin C)
207136_at	2,13	Arrestin 3, retinal (X-arrestin)
202145_at	2,12	Lymphocyte antigen 6 complex, locus E
205897_at	2,12	Nuclear factor of activated T-cells
202938_x_at	2,12	CGI-96 protein
201743_at	2,11	CD14 antigen
210784_x_at	2,10	Leukocyte immunoglobulin-like receptor, member 3
217161_x_at	2,10	Aggrecan 1
221147_x_at	2,10	WW domain-containing oxidoreductase
218612_s_at	2,10	Tumor suppressing subtransferable candidate 4
204487_s_at	2,09	Potassium voltage-gated channel, member 1
202953_at	2,08	Complement component 1, q subcomponent, beta
202023_at	2,08	Ephrin-A1
213298_at	2,06	Nuclear factor I/C (CCAAT-binding transcription factor)

ID	cf	Gen
219087_at	2,06	Asporin (LRR class 1)
214484_s_at	2,06	Sigma receptor (SR31747 binding protein 1)
202500_at	2,05	DnaJ (Hsp40) homolog, subfamily B, member 2
207459_x_at	2,03	Glycophorin B (includes Ss blood group)
200783_s_at	2,03	Stathmin 1/oncoprotein 18
214608_s_at	2,02	Eyes absent (Drosophila) homolog 1
205611_at	2,01	Tumor necrosis factor (ligand) superfamily, member 12
207433_at	2,01	Interleukin 10
204268_at	2,01	S100 calcium-binding protein A2

cf: change fold. fett gedruckt: Gene, die für die weitere Validierung ausgewählt wurden. ID: Affymetrix-Identität.

CD52 wurde als potentiell interessantes Gen zur Validierung aus der Liste der abregulierten Gene ausgesucht, da bereits ein therapeutisch genutzter Antikörper zur Behandlung von lymphoproliferativen Krankheiten existiert (**siehe 1.3**).

Ein weiteres, in den Rezidiven abreguliert gefundenes Gen, war *EphA1* (Faktor 1,5), welches zur Validierung mittels Immunhistochemie ausgewählt wurde. Die Rolle der Ephrine und deren Rezeptoren im Bezug auf Tumorentstehung wurden bereits in der Einleitung erläutert (**siehe 1.2**). Weitere Mitglieder der Ephrinfamilie konnten ebenfalls als niedriger bzw. höher exprimiert in den Rezidiven verglichen zu den primären Tumoren gefunden werden (**Tabelle 41**).

Tabelle 41: Differentielle Ephrin-Expression im Riesenzelltumor.

Regulation	Ephrin	cf
aufreguliert in RT vs. PT	EFNA1	2,1
	EphA3	2,3
	EphB3	1,5
	EphB4	1,4
abreguliert in RT vs. PT	EFNB3	2,6
	EphA1	1,5
	EphA4	1,4

cf: change fold. PT: Riesenzelltumor Primärtumore. RT: Riesenzelltumor Rezidive.

Die Auswahl der restlichen Antigene zur Validierung beruhte im Wesentlichen auf bekannten Funktionen in der Transformation von Zellen und Geweben sowie der hohen Unterexpression in den Rezidiven verglichen zur Gruppe der Primärtumore (AMFR 3,7fach, FGFR3 2,4fach).

5.1.1.2.2 Aufregulierte Gene in den Rezidiven vs. Primärtumoren

88 Gene wurden mindestens 2fach überexprimiert gefunden (**Tabelle 42**). Diese konnten durch die funktionelle DAVID-Analyse in drei Gruppen eingeteilt werden: Transmembran-Rezeptoraktivität, Ionentransport und DNS-Bindung. Zur ersten Gruppe zählen auch diejenigen Antigene, welche im Zusammenhang mit immunregulatorischen Prozessen eine Rolle spielen. Beispielsweise zeigte das Gen *MHCDR β 4* mit einer Wert von 12,7 die höchste Aufregulation.

Tabelle 42: Mindestens 2fach aufregulierte Gene in Riesenzelltumor Rezidiven vs. Primärtumoren.

ID	cf	Gen
209728_at	12,74	Major histocompatibility complex, class II, DR beta 4
203290_at	7,63	Major histocompatibility complex, class II, DQ alpha 1
206785_s_at	5,53	Killer cell lectin-like receptor subfamily C, member 2
206785_s_at	5,53	Killer cell lectin-like receptor subfamily C, member 2
209942_x_at	5,40	Melanoma antigen, family A, 3
202286_s_at	5,29	GA733-1 protein precursor
203240_at	5,19	Fc fragment of IgG binding protein
204712_at	4,88	Wnt inhibitory factor-1
217414_x_at	3,79	Human alpha-globin gene with flanks.
205923_at	3,60	Reelin
209116_x_at	3,56	Hemoglobin, beta
215382_x_at	3,31	Tryptase beta 1
202437_s_at	3,15	Cytochrome P450, subfamily I
205523_at	3,09	Cartilage linking protein 1
209496_at	2,94	Retinoic acid receptor responder (tazarotene induced) 2
214612_x_at	2,92	Human MAGE-6 antigen (MAGE6) gene, complete cds.
205683_x_at	2,86	Tryptase beta 1
210084_x_at	2,81	Tryptase, alpha
217428_s_at	2,77	H.sapiens type X collagen gene.
211696_x_at	2,76	Hemoglobin, beta
211696_x_at	2,76	Hemoglobin, beta

ID	cf	Gen
202196_s_at	2,74	Dickkopf (Xenopus laevis) homolog 3
217023_x_at	2,68	Homo sapiens mast cell tryptase beta III gene, complete cds.
205242_at	2,65	Small inducible cytokine B subfamily, member 13
210883_x_at	2,61	Ephrin-B3
209458_x_at	2,57	Hemoglobin, alpha 2
218609_s_at	2,50	Nudix-type motif 2
221645_s_at	2,49	Zinc finger protein 83 (HPF1)
210511_s_at	2,48	Inhibin, beta A (activin A, activin AB alpha polypeptide)
218002_s_at	2,46	Small inducible cytokine subfamily B, member 14
221379_at	2,41	HUG1 gene
211343_s_at	2,39	Collagen, type XIII, alpha 1
203375_s_at	2,37	Tripeptidyl peptidase II
209631_s_at	2,37	G protein-coupled receptor 37
216047_x_at	2,36	Seizure related gene 6 (mouse)-like
201925_s_at	2,35	Decay accelerating factor for complement (CD55)
206062_at	2,34	Homo sapiens guanylate cyclase activating protein (GCAP)
219773_at	2,33	NADPH oxidase 4
214532_x_at	2,32	POU domain, class 5, transcription factor 1
218468_s_at	2,31	Cysteine knot superfamily 1, BMP antagonist 1
205637_s_at	2,31	SH3-domain GRB2-like 3
204938_s_at	2,30	Phospholamban
211745_x_at	2,30	Hemoglobin, alpha 2
203889_at	2,29	Secretory granule, neuroendocrine protein 1 (7B2 protein)
218469_at	2,28	Cysteine knot superfamily 1, BMP antagonist 1
218793_s_at	2,24	Sex comb on midleg (Drosophila)-like 1
204018_x_at	2,22	Hemoglobin, alpha 1
206869_at	2,22	Chondroadherin
202912_at	2,22	Adrenomedullin
207038_at	2,21	Solute carrier family 16, member 6
203234_at	2,21	Uridine phosphorylase
219664_s_at	2,21	2,4-dienoyl CoA reductase 2, peroxisomal
211699_x_at	2,20	Hemoglobin, alpha 1
203083_at	2,20	Thrombospondin 2
204939_s_at	2,19	Phospholamban
210040_at	2,18	Solute carrier family 12, member 5
204363_at	2,17	Coagulation factor III (thromboplastin, tissue factor)
211456_x_at	2,17	Metallothionein 1H
211470_s_at	2,16	Sulfotransferase family, cytosolic, 1C, member 1
202267_at	2,16	Laminin, gamma 2
203861_s_at	2,15	Actinin, alpha 2
216834_at	2,13	Regulator of G-protein signalling 1
203835_at	2,11	Glycoprotein A repetitions predominant
205700_at	2,11	Oxidative 3 alpha hydroxysteroid dehydrogenase
210467_x_at	2,11	Melanoma antigen, family A, 12
204419_x_at	2,10	Hemoglobin, gamma G

ID	cf	Gen
210571_s_at	2,09	Cytidine monophosphate-N-acetylneuraminic acid hydroxylase
205180_s_at	2,09	A disintegrin and metalloproteinase domain 8
219529_at	2,09	Chloride intracellular channel 3
210606_x_at	2,09	Killer cell lectin-like receptor subfamily D, member 1
205372_at	2,08	Pleiomorphic adenoma gene 1
203824_at	2,07	Transmembrane 4 superfamily member 3
213854_at	2,07	Synaptogyrin 1
206439_at	2,05	Dermatan sulphate proteoglycan 3
206343_s_at	2,05	Neuregulin 1
221107_at	2,05	Cholinergic receptor, nicotinic, alpha polypeptide 9
221127_s_at	2,05	Regulated in glioma
210925_at	2,05	MHC class II transactivator
207103_at	2,04	Potassium voltage-gated channel, member 2
205404_at	2,04	Hydroxysteroid (11-beta) dehydrogenase 1
201621_at	2,03	Neuroblastoma, suppression of tumorigenicity 1
206932_at	2,02	Cholesterol 25-hydroxylase
207264_at	2,02	KDEL endoplasmic reticulum protein retention receptor 3
206310_at	2,02	Serine protease inhibitor, Kazal type, 2
214974_x_at	2,02	Small inducible cytokine subfamily B, member 5
210078_s_at	2,02	Potassium voltage-gated channel, beta member 1
201354_s_at	2,01	Bromodomain adjacent to zinc finger domain, 2A
205595_at	2,01	Desmoglein 3

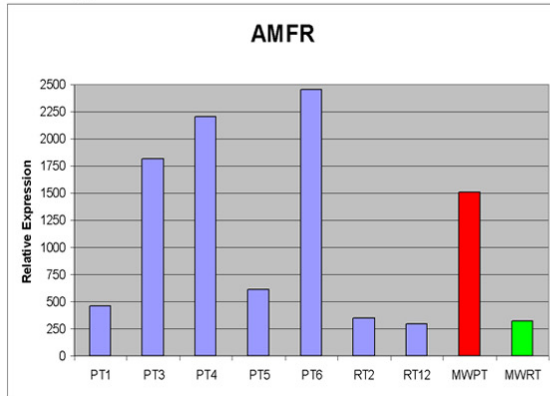
cf: change fold. ID: Affymetrix-Identität.

Claudin7 wurde mit einem Faktor von 1,7 als aufreguliertes Gen detektiert. Betrachtet man die Einzelsignalwerte aller Proben, fällt die große Heterogenität innerhalb der Expression auf (**Abbildung 45**). Ein hohes Signal der relativen Expression wurde in PT5 (711) und RT12 (688) detektiert, während PT1 (123), PT3 (127), PT4 (266), PT6 (192) und RT2 (125) sehr niedrige Werte aufwiesen. Auf Grund der Mittelwertanalyse der Primärtumore (Mittelwert der relativen Expression: 284) sowie der Rezidive (Mittelwert der relativen Expression: 407) wurde *Claudin7* als aufreguliert bewertet. Weiterhin konnte innerhalb der 1.736 Gene *Claudin17* mit einem Faktor von 1,4 in den Rezidivtumoren höher exprimiert als in der Gegengruppe gefunden werden. Im Gegensatz dazu detektierten wir in der mit 1.467 Gene umfassenden abregulierten Genliste *Claudin5* (Faktor 1,3) und *Claudin15* (Faktor 1,4). Diese *Claudine* zeigten auch sehr große Heterogenitäten innerhalb ihrer relativen Expressionswerte und wurden nur auf Grund der Mittelwertanalyse als ab-

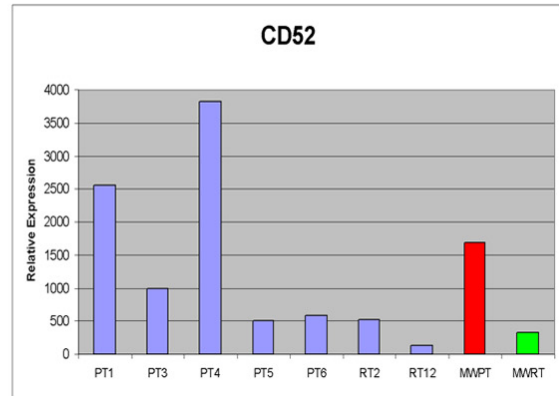
bzw. aufreguliert bewertet. Mitglieder der Claudin-Familie spielen eine wichtige Rolle bei Zell-Zell-Adhäsionsprozessen und sollten damit in den Rezidiven abreguliert sein. Auf Grund der hohen Heterogenität zwischen den verwendeten Tumorproben war unklar, ob *Claudin7* ab- oder aufreguliert war. Daher wurde *Claudin7* für die weitere Analyse ausgewählt.

Die Einzelsignalwerte sowie die Mittelwerte der Primärtumore und Rezidive aller zur Validierung ausgesuchten Gene (*AMFR*, *CD52*, *Claudin7*, *EphA1* und *FGFR3*) sind in **Abbildung 45** dargestellt.

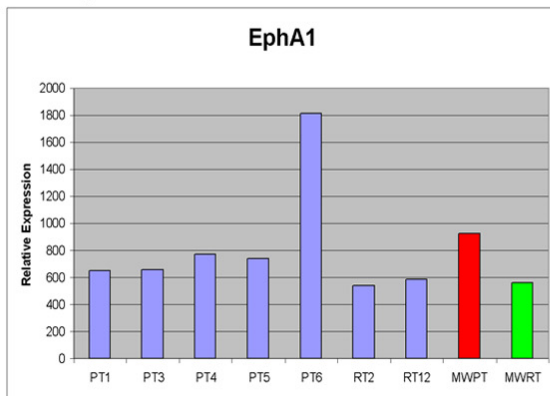
Abreguliert im Rezidiv vs. Primärtumor



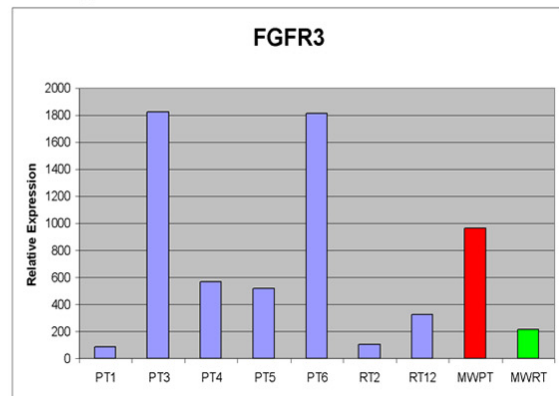
Abreguliert im Rezidiv vs. Primärtumor



Abreguliert im Rezidiv vs. Primärtumor



Abreguliert im Rezidiv vs. Primärtumor



Aufreguliert im Rezidiv vs. Primärtumor

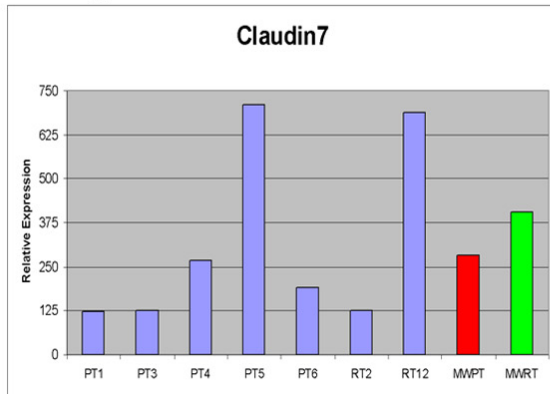


Abbildung 45: Expressionswerte ausgewählter Gene zur Validierung.

Dargestellt sind die relativen Expressionswerte aller Proben (blaue Balken) sowie die Mittelwerte (MW) aus PT (Riesenzelltumor Primärtumore; rote Balken) und RT (Riesenzelltumor Rezidive; grüne Balken), die bei der Analyse der Gene verwendet wurden.

5.1.2 Immunhistochemische Analyse ausgewählter Gene

Nachfolgend zur Microarray Studie wurden die Gene *CD52*, *Claudin7*, *EphA1*, *AMFR* und *FGFR3* mittels immunhistochemischer Färbung auf Protein-Ebene validiert. Die CD52-Validierung wird detailliert im **Kapitel 6** beschrieben. Für die restlichen Antigene wurden Paraffinschnitte von n=16 primären Riesenzelltumoren sowie n=6 Rezidiven analysiert. Riesenzelltumore bestehen histologisch aus drei unterschiedlichen Zellkomponenten: Den multinukleären Riesenzellen, den Makrophagen-ähnlichen Zellen und den Fibroblasten-ähnlichen Zellen. Da die Expression der Antigene in den einzelnen Zelltypen unterschiedlich sein kann, wurden jeweils alle drei Komponenten getrennt voneinander bewertet. **Tabelle 43** spiegelt den Mittelwert aus allen drei Zelltypen wieder.

Tabelle 43: Immunhistochemische Analyse von AMFR, Claudin7, EphA1 und FGFR3 anhand von Riesenzelltumor Paraffingewebe.

Antigen	Tumor	PP	SI	IRS
AMFR	PT	1,3	2,3	2,9
	RT	0,3	0,5	0,5
Claudin7	PT	3,2	2,3	7,7
	RT	2,1	1,4	2,9
EphA1	PT	2,6	2,1	5,9
	RT	1,1	1,4	2,1
FGFR3	PT	1,6	1,3	2,7
	RT	1,7	1,4	2,8

Die Auswertung erfolgte mittels des Immunreaktiven-Scores (IRS) des gesamten Schnittes. Von IRS, PP und SI wurden jeweils die Mittelwerte errechnet. PP: Anzahl an positiven Zellen. PT: Riesenzelltumor Primärtumore. RT: Riesenzelltumor Rezidive. SI: Intensität der positiv gefärbten Zellen.

Die Expression von AMFR beschränkte sich auf die Makrophagen-ähnliche Komponente. In rund 25% der Makrophagen-ähnlichen Zellen im Primärtumor konnte mit mittlerer Farbintensität eine Expression von AMFR detektiert werden (**Abbildung 46A**). Unter den Makrophagen-ähnlichen Zellen findet man auch so

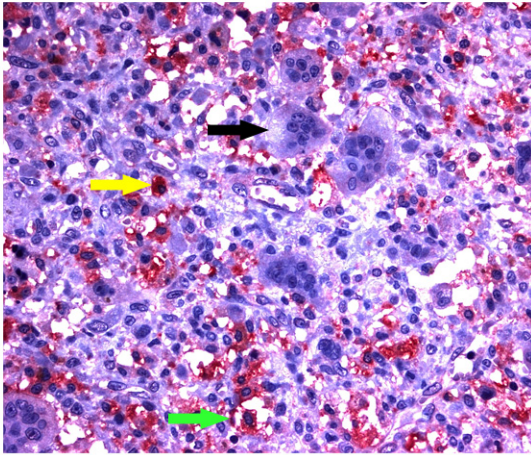
genannte Schaumzellen. Dies sind lipidbeladene Makrophagen, welche die charakteristischen Zellen der arteriosklerotischen Plaques darstellen (Libby, 2002). Diese zeigten vermehrt eine AMFR-Expression. In den Rezidiven wurde das Antigen in 2/6 Fällen in den Makrophagen-ähnlichen Zellen gefunden. Schaumzellen kamen in dieser Tumorsubgruppe nicht vor. Daher konnte eine signifikante Reduzierung von AMFR in den rezidiven Tumoren gegenüber denen vom primären Typ festgestellt werden ($p=0,001$).

Claudin7 zeigte ebenfalls eine signifikante Erniedrigung der Expression in den Rezidivtumoren verglichen zur Gruppe der Primärtumore ($p=0,002$). Letztere wiesen in rund 80% der Fälle (PP 3,2) eine mittlere bis starke Anfärbung auf (SI 2,3; **Abbildung 46B**). Die multinukleären Riesenzellen zeigten dabei mit einem IRS von 10,2 die höchste Immunreaktivität verglichen zu den Makrophagen-ähnlichen (IRS 7,1) und Fibroblasten-ähnlichen (IRS 5,3) Zellen. Rezidivtumore wiesen im Mittel eine schwächere Anfärbung auf (SI 1,4).

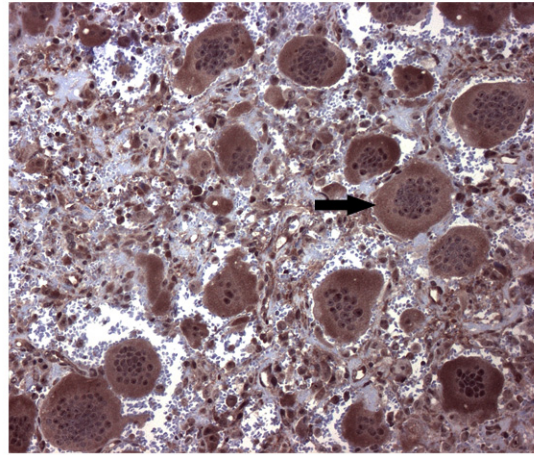
Eine weitere signifikant geringere Expression in den Rezidiven konnte für EphA1 validiert werden ($p=0,004$). Alle drei analysierten Komponenten zeigten eine intensive membranöse Färbung, die typisch für Rezeptorproteine ist (**Abbildung 46C**). Mit einem IRS von 7,9 konnte in den multinukleären Riesenzellen im Mittel der höchste IRS-Wert verglichen zu den übrigen Zelltypen detektiert werden ($IRS_{\text{Makrophagen-ähnliche Zellen}} 4,0$; $IRS_{\text{Fibroblasten-ähnliche Zellen}} 2,7$).

Im Gegensatz zu den vorangegangenen Antigenen zeigte FGFR3 keinen Expressionsunterschied zwischen beiden analysierten Gruppen ($p=0,764$). Rezidive und Primärtumore wiesen eine schwache bis mittlere Anfärbung (SI 1,3) in rund 50% aller Tumorzellen (PP 1,6) auf, wobei die Expression in allen drei Komponenten festgestellt werden konnte (**Abbildung 46D**). Die Fibroblasten-ähnlichen Zellen wiesen dabei den höchsten IRS-Score auf ($IRS_{\text{multinukleäre Riesenzellen}} 2,7$, $IRS_{\text{Makrophagen-ähnliche Zellen}} 2,0$, $IRS_{\text{Fibroblasten-ähnliche Zellen}} 3,4$).

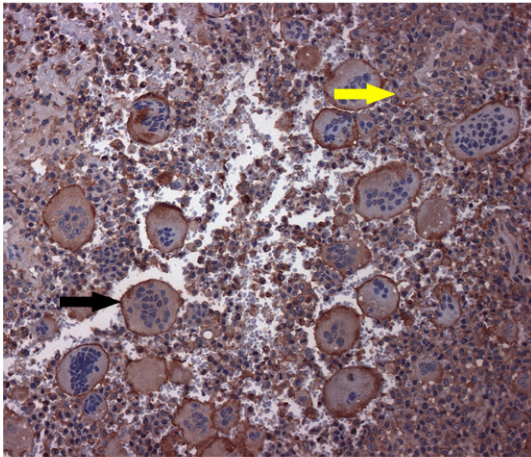
A: AMFR-Expression



B: Claudin7-Expression



C: EphA1-Expression



D: FGFR3-Expression

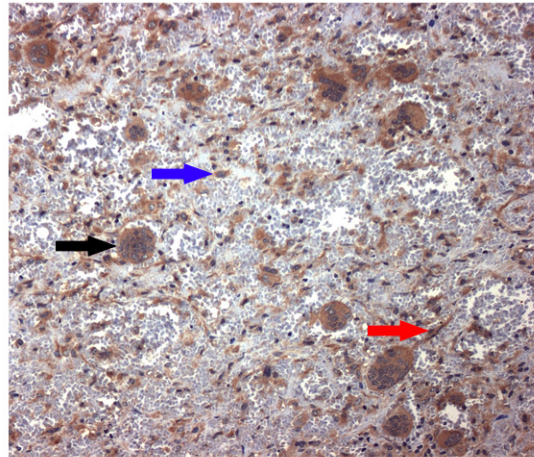


Abbildung 46: Protein-Expression ausgewählter Antigene im primären Riesenzelltumor-Gewebe.

A: AMFR-Expression in Schaumzellen (grüner Pfeil) und Makrophagen-ähnlichen Zellen des Riesenzelltumors (gelber Pfeil). Multinukleäre Riesenzellen zeigten keine Anfärbung (schwarzer Pfeil). 400fach vergrößert. **B:** Zytoplasmatische Claudin7Expression in multinukleären Riesenzellen (Pfeil) des Riesenzelltumors. 400fach vergrößert. **C:** Expression von EphA1 im Riesenzelltumor. Eine starke membranöse Färbung konnte in den multinukleären Riesenzellen detektiert werden (schwarzer Pfeil), während Makrophagen-ähnliche Zellen (gelber Pfeil) schwach bis mittel EphA1 exprimierten. 400fache Vergrößerung. **D:** FGFR3Expression in multinukleären Riesenzellen (schwarzer Pfeil), Makrophagen-ähnlichen Zellen (blauer Pfeil) und Fibroblasten-ähnlichen Zellen (roter Pfeil) des Riesenzelltumors. 200fache Vergrößerung. A wurde mit der LSAB-AP-Methode (gesuchtes Antigen stellt sich rot dar) und B-D mit der LSAB-HRPMethode (gesuchtes Antigen stellt sich braun dar) gefärbt.

5.2 Diskussion

Durch die genomweite Analyse von Riesenzelltumoren sollten Gene ermittelt und validiert werden, die im Prozess der Entstehung und Entwicklung von Riesenzelltumoren eine Rolle spielen könnten. Im Gegensatz zu den vier bisher durchgeführten Microarray Studien an Riesenzelltumoren (Morgan et al., 2005; Randall et al., 2003; Skubitz et al., 2004; Wuelling et al., 2004) bestand unser Ziel darin, primäres und rezidivierendes Riesenzelltumor-Gewebe zu analysieren. Mittels Microarray Analyse konnten einige neue Gene (*AMFR*, *CD52*, *Claudin7* und *EphA1*) identifiziert werden, die zuvor noch nicht mit Riesenzelltumoren in Bezug gebracht wurden.

Einen limitierenden Faktor der Analyse stellte die geringe Anzahl an Proben sowohl für die Microarray Analyse als auch für die immunhistochemische Färbung dar. Da der Riesenzelltumor eine sehr seltene Entität ist, konnten wir für die Array Untersuchung nur sechs Primärtumore und zwei Rezidive verwenden. Eine Riesenzelltumor-Probe wurde aus der Analyse herausgenommen, da diese vermutlich eine Degenerierung der RNS aufwies und so zu verfälschten Ergebnissen führen würde. Das hierarchische Clustering der analysierten Riesenzelltumore ergab eine große Heterogenität innerhalb der individuellen Subgruppen (Primärtumore und Rezidive). Daher wurde der Mittelwert der beiden Gruppen (Mittelwert der Primärtumore, Mittelwert der Rezidive) für die weiteren Analysen genutzt. Aus diesem Grund sind die relativen Expressionswerte („*change fold*“) der meisten Gene künstlich herabgesetzt. Es gingen vermutlich viele Gene, die auch im Rahmen der Progression von Riesenzelltumoren eine Rolle spielen könnten, durch die Verwendung der Mittelwerte der einzelnen Subgruppen verloren. Weiterhin stand uns für die immunhistochemische Analyse nicht ausreichend Material für ausführliche Studien an einem größeren Patientenkollektiv zur Verfügung. Da wir uns nur auf die Validierung der ausgewählten Antigene und nicht auf deren funktionellen Kontext konzentrierten, sind in Zukunft weiterführende Analysen nötig, um die Rolle der Antigene im Riesenzelltumor zu untersuchen.

5.2.1 Vergleich zu publizierten Microarray Analysen

Die Hybridisierung auf Microarrays ist eine hochsensitive Technologie, welche durch Standardisierung der Referenzdatensätze definiert werden muss (Hoffmann et al., 2002; Olshen und Jain, 2002; Ramoni et al., 2002; Sterrenburg et al., 2002). Die Verifizierung und Validierung der analysierten Proben ist zwingend notwendig, um die Komplexität heterogener Gewebe nicht zu vernachlässigen. Neoplasien sind *in vivo* nie homogen. Sie stellen immer heterogene Gewebe dar (Shmulevich et al., 2002; Yoo und Robinson, 1999; Zhou et al., 2003). Ohne einzelne Zellen zu untersuchen (z. B. durch Mikrodisektion) generieren Tumorproben daher Genexpressionsprofile, die nicht ausschließlich spezifisch für Tumorzellen sind, sondern auch das Genexpressionsprofil des nicht-neoplastischen Gewebeanteils widerspiegeln (Rho et al., 2002).

Hintergrund der Studie von *Randall et al. 2003* waren offene Fragen, die sich im Zusammenhang mit der Methodik der cDNS Microarray Analyse ergaben. In dieser Studie bestätigten die Autoren, dass trotz der Heterogenität innerhalb der klinischen Tumorproben die Microarray Technik genutzt werden kann, um solche Tumorproben miteinander zu vergleichen. Unsere Ergebnisse bestätigten diese Hypothese jedoch nur teilweise, was beispielhaft an Claudin7 und FGFR3 sichtbar wird. Claudin7 (**Kapitel 5.2.4**) und FGFR3 (**Kapitel 5.2.5**) wiesen bei der immunhistochemischen Validierung verglichen zum Microarray ein abweichendes Muster auf. *FGFR3* wurde als abreguliert in den Rezidiven gefunden, während auf Protein-Ebene keine Regulation zwischen Primärtumor und rezidivierenden Riesenzelltumor detektiert werden konnte. Für *Claudin7* konnte eine Aufregulation in der Array Analyse detektiert werden, jedoch zeigten die immunhistochemischen Färbungen eine signifikante Abregulation auf Protein-Ebene. Diese Unterschiede beruhen auf der Tatsache, dass die relativen Expressionswerte der einzelnen Proben stark schwankten (**Abbildung 45**). Der mittels Microarray Auswertung generierte Mittelwert gab dadurch einen artifiziell hohen oder niedrigen Wert an und ordnete so die Gene den ab- oder aufreguliertem Typen zu. Diese Einteilung entsprach

vermutlich jedoch nicht der eigentlichen *in vivo* Situation, was anhand der Validierung für Claudin7 bestätigt werden konnte.

In der Microarray Studie von Skubitz *et al.* 2004 wurden mittels Affymetrix HG U133 Genchips Genexpressionsprofile von n=8 Riesenzelltumoren, n=5 normalen Knochen, n=25 reaktiven Knochen von degenerativen Gelenkerkrankungen und n=519 Proben von 20 unterschiedlichen Gewebstypen analysiert. Es konnten 1.214 Gene gefunden werden, die mehr als zweifach überexprimiert im Riesenzelltumor verglichen zu degenerativen Knochen und normalen Geweben vorlagen. Unter ihnen befanden sich zum Beispiel *MMP13* (*Matrix Metalloproteinase 13*), *RANKL* (*Receptor Activator of Nuclear factor κ B Ligand*) und *CCR1* (*Chemokine [C-C-Motif] Receptor 1*). Jedoch wurden diese Gene nicht weiter validiert.

mRNS Proben von 16 kultivierten Riesenzelltumor-Zelllinien (fibroblastäre Zellkomponente der dritten Passage) sowie zwei mesenchymalen Stammzelllinien wurden mittels cDNS Microarrays (Clontech) in der Studie von Wuelling *et al.* 2004 untersucht. Es konnten 1.500 Gene mit einem „*change fold*“ über 1,5fach als differentiell exprimiert zwischen Riesenzelltumor- und mesenchymalen Stammzelllinien detektiert werden. 10 Gene wurden auf Grund ihrer Assoziation zur Riesenzelltumor-Entwicklung ausgewählt und zusätzlich mittels *real-time* RT-PCR untersucht. Weiterhin validierten die Autoren NME2 (*Protein expressed in non-metastatic cells*) und Jun mittels Western blot und immunhistochemischer Färbung.

In der Studie von Morgan *et al.* 2005 wurden 48 Sarkome (inklusive n=9 Riesenzelltumore) mittels cDNS Microarrays (9.386 cDNS Klone, Unigene) untersucht. Das hierarchische Clustering wies die Riesenzelltumore trotz ihrer Heterogenität als eine Subgruppe innerhalb der anderen Sarkome (Leiomyosarkome, synoviale Sarkome, maligne fibröse Sarkome, Liposarkome) aus. Die 24 am stärksten exprimierten Gene (Bsp. *CSF-1R* [*Colony-stimulation Factor 1 Receptor*] und *MMP13*) in den Riesenzelltumoren wurden ermittelt. Weiterhin bestimmten die Autoren Gene, die am höchsten in der Osteoklastenfraktion sowie der Stromazellkomponente der Riesenzelltumore exprimiert vorlagen. *RANKL* wurde im Anschluss mittels Durchflusszytometrie und Immunhistochemie validiert.

Trotz der geringen Probenzahl (nur n=7 Riesenzelltumore) und der Unterschiede im Studiendesign (keine Verwendung von nicht-neoplastischen Kontrollen oder anderen normalen, benignen oder malignen Geweben; keine Verwendung von Zelllinien sondern von nativen Gewebe; Verwendung anderer Genchips) konnten in unserer Analyse einige überlappende auf- und abregulierter Gene zu den bisher beschriebenen Studien gefunden werden (**Tabelle 44**). Ob die Auf- bzw. Abregulationen real sind, kann auf Grund der Erfahrung mit Claudin7 nicht bestimmt werden. Vermutlich gibt es noch mehr echte Überlappungen zwischen den Genen der einzelnen Studien.

Tabelle 44: Überlappende Gene zwischen den vier bisherigen und unserer eigenen Microarray Studie in Riesenzelltumoren.

Studie	Gen	Regulation Vergleichsstudie	Regulation eigene Studie
<i>Skubitz et al. 2004</i>	<i>MMP13</i>	aufreguliert im RZT vs. degenerierter Knochen und vs. Normalgewebe	aufreguliert in RT vs. PT
	<i>RANKL</i>	aufreguliert im RZT vs. degenerierter Knochen und vs. Normalgewebe	abreguliert in RT vs. PT
	<i>Kollagen XI a1</i>	aufreguliert im RZT vs. degenerierter Knochen und vs. Normalgewebe	abreguliert in RT vs. PT
	<i>Proteoglycan-3</i>	aufreguliert im RZT vs. degenerierter Knochen und vs. Normalgewebe	abreguliert in RT vs. PT
	<i>CD58</i>	aufreguliert im RZT vs. Normalgewebe	aufreguliert in RT vs. PT
	<i>CCR1</i>	aufreguliert im RZT vs. Normalgewebe	aufreguliert in RT vs. PT
	<i>TM7SF1</i>	aufreguliert im RZT vs. Normalgewebe	aufreguliert in RT vs. PT
<i>Wuelling et al. 2004</i>	<i>cJun</i>	aufreguliert in RZT vs. MSC	aufreguliert in RT vs. PT
	<i>IL6</i>	aufreguliert in RZT vs. MSC	abreguliert in RT vs. PT
	<i>Cathepsin L</i>	aufreguliert in RZT vs. MSC	aufreguliert in RT vs. PT
	<i>TIMP3</i>	abreguliert in RZT vs. MSC	aufreguliert in RT vs. PT

Studie	Gen	Regulation Vergleichsstudie	Regulation eigene Studie
	<i>Fibronektin 1</i>	abreguliert in RZT vs. MSC	aufreguliert in RT vs. PT
	<i>GAS6</i>	aufreguliert in RZT vs. MSC	aufreguliert in RT vs. PT
	<i>AKAP12</i>	aufreguliert in RZT vs. MSC	abreguliert in RT vs. PT
	<i>TGFβ1</i>	aufreguliert in RZT vs. MSC	aufreguliert in RT vs. PT
	<i>RGS4</i>	abreguliert in RZT vs. MSC	aufreguliert in RT vs. PT
<i>Morgan et al. 2005</i>	<i>MMP13</i>	aufreguliert in RZT	aufreguliert in RT vs. PT
	<i>RANKL</i>	aufreguliert in RZT	abreguliert in RT vs. PT
	<i>Kollagen XI α1</i>	abreguliert in RZT	abreguliert in RT vs. PT
	<i>CSF-1R</i>	aufreguliert in RZT	aufreguliert in RT vs. PT
	<i>TSP2</i>	aufreguliert in RZT	aufreguliert in RT vs. PT
	<i>C-type Lectin</i>	aufreguliert in RZT	aufreguliert in RT vs. PT
	<i>TNFR</i>	aufreguliert in RZT	abreguliert in RT vs. PT
	<i>NFAT</i>	aufreguliert in RZT	abreguliert in RT vs. PT

AKAP12: A Kinase Anchor Protein 12. CCR1: Chemokine (C-C-Motif) Receptor 1. CSF-1R: Colony-stimulation Factor 1 Receptor. GAS6: Growth Arrest-specific 6. IL6: Interleukin 6. MMP13: Matrix Metalloproteinase 13. MSC: Mesenchymale Stammzelllinie. NFAT: Nuclear Factor of Activated T-cells. PT: Riesenzellprimärtumor. RANKL: Receptor Activator of Nuclear factor κB Ligand. RGS4: Regulator of G-protein Signaling 4. RT: Riesenzelltumor Rezidiv. RZT: Riesenzelltumor. TGFβ1: Transforming Growth Factor, β-induced, 68kDa. TIMP3: Tissue Inhibitor of Matrix Metalloproteinase 3. TNFR: Tumor Necrosis Factor Receptor. TM7SF1: Transmembrane 7 Superfamily member 1. TSP2: Thrombospondin 2.

Die Gene *AMFR*, *CD52*, *Claudin7*, *EphA1* und *FGFR3* wurden in den vorherigen Microarray Studien bisher noch nicht beschrieben und/oder in Zusammenhang mit Riesenzelltumoren gebracht. Daher wurden sie zur weiteren Validierung ausgewählt. CD52 wird im **Kapitel 6** analysiert und diskutiert.

5.2.2 AMFR

Unsere Microarray Analyse zeigte eine heterogene Expression von *AMFR* (PT3, PT4, PT6 hohe und PT1, PT5, RT2, RT12 niedrige relative Expressionswerte). Daher wurde durch die Mittelwertanalyse *AMFR* als abreguliert in den Rezidiven gegenüber den Primärtumoren bewertet.

Der *Autocrine Motility Factor* (AMF) ist ein Tumor-sezerniertes Zytokin, welches die Beweglichkeit der Zellen und Metastasierung über seinen Rezeptor *AMFR* (*Autocrine Motility Factor Receptor*) steuert (Liotta et al., 1986; Watanabe et al., 1991). Die Bindung von AMF an AMFR erhöht die Tumorzellmotilität und stimuliert das Wachstum und die Beweglichkeit von Fibroblasten (Silletti und Raz, 1993). Es wurde vermutet, dass der AMF/AMFR-Signalweg eine Rolle in der normalen Gewebsregeneration sowie im Metastasierungsprozess spielt. AMFR ist in Lungenmetastasen einer Sarkomart des Uterus (*Uterine Endolymphatic Stromal Myosis*) exprimiert (Sakamoto et al., 1997) und es konnte eine Korrelation zwischen erhöhter Expression von AMFR und einer hohen Anzahl an Rezidiven sowie dem verkürzten Überleben von Patienten mit Blasen-, Colon-, Ösophagus-, Lungen und Magenkarzinomen gezeigt werden (Hirono et al., 1996; Maruyama et al., 1995; Nakamori et al., 1994; Otto et al., 1997; Takanami et al., 2001; Taniguchi et al., 1998).

In der immunhistochemischen Auswertung konnte AMFR ausschließlich in den Makrophagen-ähnlichen Zellen der primären und rezidivierenden Riesenzelltumore detektiert werden. Bisher wurde die Expression von AMF oder AMFR nicht im Riesenzelltumor beschrieben. Auch die Protein-Expression in Makrophagen anderer Gewebe ist derzeit unbekannt. In den Primärtumoren wurde meist eine Anreicherung in lipidbeladenen Makrophagen, den so genannten Schaumzellen, beobachtet. Es ist bekannt, dass Schaumzellen Zytokine, Chemokine, Interleukine und Wachstumsfaktoren sezernieren, bzw. zur Ausschüttung von MMP's führen. Vermutlich ist AMFR deshalb in den Makrophagen und den Schaumzellen im Riesenzelltumor exprimiert. In den sechs rezidivierenden Fällen konnte AMFR in nur zwei Proben in den Makrophagen-ähnlichen Zellen detektiert werden. Dies beruht auf der Tatsache, dass kein Rezidiv Schaumzellen aufwies, in welchen AMFR wie in

den Primärtumoren angereichert vorliegen könnte. Auf Grund der unterschiedlichen Gewebzusammensetzung der Primärtumore und Rezidive wurde vermutlich ein artifiziell signifikanter Unterschied zwischen beiden Subgruppen generiert, der nicht die reale *in vivo* Situation widerspiegelt. AMFR scheint daher nicht in den Prozess der Rezidivierung involviert zu sein. Trotz der fehlenden differentiellen Regulation zwischen beiden Subgruppen könnte der AMF/AMFR-Signalweg in Makrophagen bzw. Schaumzellen eine Rolle als Signal zur Motilität für Fibroblasten-ähnliche Zellen während der Entstehung von Riesenzelltumoren spielen.

5.2.3 EphA1

EphA1 wurde als abreguliert in den Rezidiven verglichen zur Gruppe der Primärtumore detektiert. Betrachtet man sich jedoch die Einzelwerte der relativen Expressionssignale für *EphA1* stellt man fest, dass innerhalb der Primärtumore nur PT6 einen hohen Wert aufweist. Die restlichen Expressionswerte liegen ungefähr auf gleichem Niveau. Damit war fraglich, ob *EphA1* auf mRNA-Ebene überhaupt eine Regulation zeigte, oder ob dies nur artifiziell durch die Mittelwertanalyse beider Subgruppen erzeugt wurde. Auf Grund dessen wurde dieser Tyrosinkinase-Rezeptor zur weiteren Validierung mittels immunhistochemischer Färbung ausgesucht. Im Gegensatz zur Microarray Analyse konnte eine eindeutige Regulation auf Protein-Ebene detektiert werden, da EphA1 in den Rezidiven signifikant niedriger exprimiert wurde als in den Riesenzellprimärtumoren.

Die Abregulation von *EphA1* ist ein überraschender Befund, wenn man betrachtet, dass Ephrine allgemein als Onkogene gelten. Für die meisten Ephrin Rezeptoren und ihre Liganden konnte eine Überexpression in diversen epithelialen Neoplasien gezeigt werden. Es wird vermutet, dass sie eine wichtige Rolle im Prozess der Karzinogenese spielen (**Kapitel 6.3**). Beispielsweise induziert die erhöhte Expression von EFNA1 eine neoplastische Transformation von normalen Fibroblasten (Maru et al., 1990). Dennoch gibt es auch einige Studien, die eine Abregulierung von Ephrinen und deren Rezeptoren in humanen Karzinomen beschreiben. EphB4 konnte als abreguliert im Mammakarzinom und EFNA1 sowie EFNA8 als abreguliert im

Colonkarzinom und Glioblastom beschrieben werden (Berclaz et al., 2002; Hafner et al., 2004).

In unserer Microarray Analyse fanden wir zusätzlich zu *EphA1* die Ephrine *EFNB3* und *EphA4* als abreguliert in den Rezidiven verglichen zum Primärtumor, während *EFNA1*, *EphA3*, *EphB3* und *EphB4* aufreguliert vorlagen (**Tabelle 41**). Interessant ist, dass in der Microarray Analyse der Osteosarkome *EphA1* als aufreguliert in den Metastasen verglichen zu den konventionellen Subtypen und HOBc detektiert wurde (**Kapitel 4.2**). Es scheint so, dass die gewebspezifische Expression der Ephrine mit ihrer funktionellen Rolle in den einzelnen Tumoren assoziiert ist. Dies wurde zuvor schon anhand der unterschiedlichen Signalübertragung in epithelialen Tumoren verglichen zu mesenchymalen Osteosarkomen verdeutlicht (**Kapitel 4.3.3**). In Anlehnung an diese Befunde sollte das Konzept, dass Ephrine immer aufreguliert vorliegen, neu überdacht werden. Welcher funktionellen Bedeutung die Abregulation von *EphA1* in den Rezidiven der Riesenzelltumore zukommt, sollte weiter überprüft werden.

5.2.4 Claudin7

Neben Transmembran- und Tyrosinkinase-Rezeptoren konnten in der Microarray Analyse verschiedene Mitglieder der Claudin-Familie detektiert werden. *Claudin7* und *Claudin17* wurden mittels Microarray Analyse als aufregulierte Gene in den Rezidiven verglichen zu den primären Riesenzelltumoren gefunden. *Claudin5* und *Claudin15* konnten als abreguliert detektiert werden.

Claudine sind Komponenten der „*Tight Junctions*“ zwischen epithelialen Zellen (Anderson und van Itallie, 1995; Furuse et al., 1998; Furuse et al., 1998; Sonoda et al., 1999). Diese Proteine bilden schmale Bänder um die Zellen, die mit den Bändern der Nachbarzellen in Kontakt stehen. So verschließen die „*Tight Junctions*“ den Zellzwischenraum und bilden eine parazelluläre Barriere. Sie kontrollieren den Fluss von Molekülen über das Epithel und haben die Aufgabe, die Polarität der Epithelzellen aufrecht zu erhalten (Anderson und van Itallie, 1995; Tsukita und Furuse, 1999). Bisher konnten mehr als 20 verschiedene Claudine identifiziert

werden (Furuse et al., 1998; Morita et al., 1999; Morita et al., 1999; Morita et al., 1999; Simon et al., 1999; Tsukita und Furuse, 2000).

Normale Zellen exprimieren typischerweise verschiedene Claudine. Einige Mitglieder dieser Familie zeigen ein gewebsspezifisches Expressionsmuster (Morita et al., 1999; Paperna et al., 1998; Peacock et al., 1997; Simon et al., 1999). Zum Beispiel konnte Claudin3 in ventralen Prostatazellen der Ratte nach Androgen-Aushungerung detektiert werden (Peacock et al., 1997). Maus claudin4, claudin7 und claudin8 sind nur in der Lunge und der Niere exprimiert und Maus claudin6 nur in Embryos, aber nicht in adulten Tieren (Morita et al., 1999). Eine hohe Expression von humanem Claudin4 wurde im Colonkarzinom, eine mittelgradige Expression in Prostata, Plazenta, Lunge und Pankreas und eine geringe Expression in Niere und Uterus gefunden (Long et al., 2001). Diese Gewebsspezifität lässt vermuten, dass viele Claudine als Komponenten in den „*Tight Junctions*“ noch andere Funktionen ausüben und in den unterschiedlichen Geweben individuell reguliert werden.

Es gibt nur wenige Studien, die Claudine in mesenchymalen Tumoren beschreiben. Der Report von *Folpe et al. 2002* zeigte, dass in mesenchymalen Geweben die Claudin1-Expression auf normale perineurale Zellen und Perineurinome, einer seltenen benignen Weichgewebstumorart, limitiert ist (Folpe et al., 2002). *Billings et al. 2004* bestätigten die Lokalisation der „*Tight Junctions*“ in synovialen Sarkomen durch die immunhistochemische Färbung von Claudin1 (Billings et al., 2004). Zusätzlich fanden *Schuetz et al. 2005* eine Claudin1-Expression in Ewing Sarkomen (Schuetz et al., 2005).

Auf Grund der Mittelwertanalyse der Primärtumore sowie der Rezidive wurde, wie bereits erwähnt, *Claudin7* als aufreguliert bewertet. Interessanterweise konnte bei der Validierung der Array Daten mittels immunhistochemischer Färbung Claudin7 als signifikant abreguliert in den Riesenzelltumorrezidiven gegenüber den primären Tumoren detektiert werden. Der Verlust der Zell-Zell-Adhäsion ist in neoplastischen Geweben eine Voraussetzung für Invasion und Metastasierung. *Kominsky et al. 2003* entdeckten, dass das Niveau der Claudin7-Expression in einer Vielzahl von Brustkrebs-Zelllinien gering ist und in primären Mammakarzinomgeweben verglichen zum normalen Mammaepithel abnimmt (Kominsky et al., 2003). Auch

konnte eine geringere Expression von Claudin7 in Kopf- und Halskarzinomen gezeigt werden (Al Moustafa et al., 2002). Wir vermuten daher, dass die Abnahme der Claudin7-Expression eine wichtige Rolle im Rezidivierungsprozess der mesenchymalen Tumorzellen spielt, da es hierbei zum Verlust der Zell-Zell-Kontakte kommt. Die eindeutige Funktion der Claudin-Genfamilie im Rahmen der Entstehung und Progression von Riesenzelltumoren konnte anhand dieser Studie jedoch nicht bestimmt werden.

Interessant ist auch die Verbindung zwischen der Expression von Ephrinen und Claudinen. Claudin4 ist ein direktes Substrat des EphA2-Rezeptors. Tanaka et al. 2005 zeigten, dass EphA2 eine Phosphorylierung am Tyr208 des Claudin4 in COS1- und HT29-Zellen induziert (Tanaka et al., 2005). Die Aktivierung von EphA2 durch seinen Liganden führt zur Senkung der Expression von Claudin4 in den „Tight Junctions“, was wiederum die Permeabilität zwischen den Zellen erhöht. Es wird spekuliert, dass die erhöhte Durchlässigkeit den Zugang der Tumorzellen zu Nährstoffen ermöglicht und somit die Proliferation, die Beweglichkeit und die Metastasierung fördert (Rangel et al., 2003).

Die Phosphorylierungsstelle Tyr208 ist in den Claudinen1-8 stark konserviert. Es könnte daher sein, dass auch andere Claudine wie beispielsweise Claudin7 durch Ephrin Rezeptoren phosphoryliert werden. Die Aufregulation von Ephrin Rezeptoren im Riesenzelltumor (*EphA3*, *EphB3*, *EphB4*) konnte durch diese Arbeit bestätigt werden. Studien in Riesenzelltumor-Primärkulturen sind schwierig, da 1.) auf Grund der Rarität der Riesenzelltumore kaum natives Material zur Verfügung steht und 2.) in Zellkultur nur die Fibroblasten-ähnliche Zellkomponente proliferiert. Die beiden anderen Zelltypen (multinukleäre Riesenzellen und Makrophagen-ähnliche Zellen) sterben nach wenigen Passagen ab. Die Expression von Claudin7 konnte jedoch in allen drei Zellkomponenten nachgewiesen werden und scheint funktionell bedeutsam zu sein. Im Rahmen dieser Dissertation konnte gezeigt werden, dass verschiedene Ephrine auch im Osteosarkom überexprimiert vorliegen (*EFNA1*, *EphA2*) und im funktionellen Kontext zur Tumorprogression stehen (**Kapitel 4.3.2 und 4.3.3**). *Claudin5* und *Claudin7* liegen in den Osteosarkom-Metastasen deutlich aufreguliert gegenüber HOBc und den konventionellen

Subtypen vor. Daher hätte man anhand der Osteosarkome ein *in vitro* System, um den funktionellen Kontext der Claudin-Phosphorylierung durch Ephrine zu untersuchen. Um die Assoziation des Ephrin Rezeptors mit Claudin7 zu analysieren, könnte man das entsprechende Ephrin sowie Claudin7 in Osteosarkom-Zelllinien mittels geeigneten Plasmiden transfizieren. Anschließend würde eine Ko-Immunpräzipitation erfolgen, um die Assoziation mit dem Rezeptor und die Phosphorylierung von Claudin7 zu überprüfen. Des Weiteren könnte man die entsprechenden Zellen mit EFNA1/Fc (oder einem anderen geeigneten EFN-Liganden) behandeln, wodurch der Rezeptor aktiviert wird. Somit kann der Einfluss der Rezeptoraktivierung auf Claudin7 überprüft werden.

5.2.5 FGFR3

FGFR3 wurde als abreguliertes Gen in den Rezidiven gegenüber den Riesenzellprimärtumoren detektiert und mittels Immunhistochemie validiert. Auch andere Mitglieder der Familie wie *FGFR1*, *FGFR2* und *FGF9* konnten als abreguliert in den Rezidivtumoren gefunden werden. Mittels immunhistochemischer Analyse bestätigten wir die Expression von *FGFR3* im Riesenzelltumor auf Protein-Ebene. Die Expression des *FGFR3*-Proteins wurde in den multinukleären und mononukleären Zellpopulationen der primären und rezidivierenden Riesenzelltumore detektiert. Ähnliche Ergebnisse wurden auch in einer Studie von *Robinson et al. 2002* nachgewiesen. Im Vergleich zum Array konnten jedoch keine signifikanten Protein-Expressionsunterschiede zwischen beiden Subgruppen detektiert werden (Robinson et al., 2002). Ob dies tatsächlich so ist oder nur durch die geringe Anzahl an Proben vorgetäuscht wurde, konnte nicht weiter untersucht werden, da nicht ausreichend Material zur Verfügung stand.

FGF`s (*Fibroblast Growth Factors*) sind Wachstumsfaktoren, die über ihre Rezeptor-Tyrosinkinasen (FGFR`s) Fibroblasten zur Proliferation anregen. Mutationen in den Genen von *FGFR1*, *FGFR2* und *FGFR3* können zu skelettalen Deformierungen führen (Britto et al., 2001; Muenke und Schell, 1995; Naski und Ornitz, 1998; Ornitz, 2001; Ornitz und Itoh, 2001; Ornitz und Marie, 2002; Wilkie, 1997). Eine erhöhte Expression

von FGFR3 wurde in Osteosarkomen und Chondrosarkomen gezeigt (Dailey et al., 2003; Jang, 2002). In unserer Microarray Analyse konnten wir *FGFR1*, *FGFR2* und *FGFR3* als überexprimiert im Osteosarkom verglichen zur Normalkontrolle HOBc detektieren (*FGFR1* 17,8fach, *FGFR2* 7,9fach und *FGFR3* 1,7fach). In einer früheren Studie wurde gezeigt, dass FGFR3 in den Stromazellen von primären Riesenzelltumoren exprimiert wird (Robinson et al., 2002). Die FGFR3-Expression in den Stromazellen spielt eine Rolle als Signal zur Proliferation, speziell für Histiozyten und Makrophagen-ähnliche Zellen. Weiterhin soll es die Formierung der multinukleären Riesenzellen aus Makrophagen-ähnlichen Zellen fördern, die dann zur Resorption des Knochens führen.

Da verschiedene FGFR`s im Riesenzelltumor und im Osteosarkom gefunden wurden, erhärtete sich die Vermutung, dass diese Rezeptoren der Wachstumsfaktoren trotz der fehlenden differentiellen Regulation innerhalb der Subgruppen (Primärtumore und Rezidive) maßgeblich an der Entstehung von Sarkomen und Riesenzelltumoren beteiligt sind. Sinnvoll wäre daher die Analyse von FGFR3 in nicht-neoplastischen Geweben wie Knochen oder Knorpel im Vergleich zum Riesenzelltumor bzw. Osteosarkom.

5.2.6 Zielgene des MAPK-Signalweges

Der MAPK-Signalweg wird unter anderem durch FGF/FGFR-Bindung aktiviert. Dadurch werden die unterhalb des Signalweges liegenden Transkriptionsfaktoren aktiviert (Park et al., 1995). Behandelt man Chondrosarkom-Zellen der Ratte mit FGF, konnte eine erhöhte Expression von Jun und MMP13 verglichen zur Ratten-Osteoblasten-Zelllinie ROS nachgewiesen werden (Dailey et al., 2003). Wie bereits beschrieben liegen *Jun* und *MMP13* im Riesenzelltumor auch aufreguliert vor.

Das erhöhte mRNS-Niveau von cJun sowohl im Riesenzelltumor gegenüber mesenchymalen Zellen sowie im Rezidiv verglichen zum Primärtumor gibt Anhaltspunkte, welche Gene möglicherweise an der Entwicklung des Riesenzelltumors von der Initiierung der Zellproliferation zur Induktion der Osteolyse beteiligt sind. Immunhistochemische Analysen und Western blots

bestätigten, dass Jun in den Stromazellen der Riesenzelltumor-Gewebe und der Riesenzelltumor-Zellkultur exprimiert und phosphoryliert wird (Wuelling et al., 2004). Die induzierte Expression von *Jun* durch aktivierte Onkogene, wie z.B. Ras, kann in der transkriptionellen Deregulation der *Jun*-Zielgene resultieren. Dies führt dazu, dass die Riesenzelltumor-Stromazellen proliferieren und neoplastisch transformieren (Wuelling et al., 2004). Dies wurde schon zuvor anhand anderer Zellsysteme gezeigt (Papachristou et al., 2003; van Dam und Castellazzi, 2001; Vogt, 2001).

Weiterhin spielt Jun bei der Regulation extrazellulärer Matrixkomponenten eine große Rolle. Die Matrix Metalloproteinasen *MMP1*, *MMP11*, *MMP13* und *MMP25* liegen in den Riesenzelltumor Rezidiven erhöht exprimiert vor. Wuelling et al. bestätigten, dass *MMP13* im Vergleich mesenchymaler Stammzellen mit Riesenzelltumor-Stromazellen erhöht vorliegt. Eine Aufregulation von *MMP13* wurde auch in Riesenzelltumor-Geweben gezeigt (Morgan et al., 2005). Eine gesteigerte mRNS-Expression von *Jun* könnte daher eine gesteigerte MMP-Transkription bedingen (Angel und Karin, 1991; Karin et al., 1997; Vincenti et al., 1996). Infolge dessen kann die Entwicklung von Riesenzelltumoren sowie das Rezidivierungspotential der Riesenzelltumore gesteigert werden.

Auch *Cathepsin L*, welches im Riesenzelltumor aufreguliert wird, könnte ein bevorzugtes Ziel der transkriptionellen Kontrolle von *Jun* sein (Janulis et al., 1999; Wuelling et al., 2004). Cathepsin L ist eine lysosomale Protease, die nach Stimulation mit Wachstumsfaktoren oder Onkogenen exprimiert wird (Hamilton et al., 1991; Kane und Gottesman, 1990; Katunuma, 1989). Es wird vermutet, dass Cathepsin L in den Fibroblasten-ähnlichen Zellen des Riesenzelltumors eine Funktion als Proto-Onkogen ausübt und so zur neoplastischen Transformation dieser führt (Wuelling et al., 2004).

5.2.7 Zusammenfassung

Mittels Microarray konnten neue Gene detektiert werden, die vermutlich eine Rolle in der Progression von Riesenzelltumoren spielen. Die limitierenden Faktoren dieser

Studie waren die große Heterogenität im Genexpressionsprofil sowie die geringe Anzahl an Proben. Auf Grund dessen sind zum jetzigen Zeitpunkt keine eindeutigen Aussagen über mögliche Funktionen der untersuchten Antigene im Riesenzelltumor möglich. Es wurde bestätigt, dass eine Validierung der Gene aus der Array Analyse unbedingt notwendig ist, da anhand der unterschiedlichen Zellkomponenten im Riesenzelltumor artifizielle Auf- bzw. Abregulierungen detektiert werden können. Dies wurde Anhand von *AMFR*, *Claudin7* und *FGFR3* deutlich. Weitere Analysen größerer Patientenkollektive sowie funktionelle Studien sind notwendig, um interessante Gene wie *AMFR*, *Cathepsin L*, *Claudin7*, *EphA1*, *FGFR3*, *Jun* und *MMP13* weiter zu untersuchen und ihre mögliche Beteiligung an Entstehung und Progression von Riesenzelltumoren zu verfestigen.

6 CD52 in osteogenen Tumoren

6.1 Ergebnisse

Die Microarray Analyse der Riesenzelltumore zeigte CD52 als überexprimiertes Gen in den Rezidiven gegenüber den Primärtumoren (**Kapitel 5.1**). Weiterhin konnte in der Microarray Analyse der Osteosarkome CD52 als aufreguliertes Gen in den Metastasen verglichen zur Gruppe der konventionellen Osteosarkome gefunden werden (**Kapitel 4.1**). Das CD52-Antigen besitzt eine Vielzahl an positiven Eigenschaften, die es zu einem guten Ziel für therapeutische Optionen macht. Der derzeit therapeutisch genutzte CD52-Antikörper CAMPATH-1H führt zur Zerstörung von lymphozytären Zellen durch Komplement- oder Antikörper-vermittelter zellulärer Zytotoxizität (Dyer et al., 1989; Greenwood et al., 1993; Hale et al., 1990; Heit et al., 1986; Riechmann et al., 1988; Xia et al., 1993). Daher analysierten wir im letzten Abschnitt dieser Arbeit die Expression von CD52 auf verschiedenen osteogenen Tumoren. Weiterhin wurde getestet, ob CAMPATH-1H in der Lage ist, Osteosarkom-Zellen *in vitro* zu hemmen.

6.1.1 Charakterisierung der immunhistochemisch gefärbten Tumore

Auf Grund der Tatsache, dass native Gewebe aus mehrere Zellkomponenten bestehen, wurden die verwendeten Osteosarkome, Chondrosarkome und Riesenzelltumore vorerst mittels immunhistochemischer Färbung charakterisiert. Die Beurteilung der Gewebszellen erfolgte anhand von Ki67, einem Proliferationsmarker, CD68, welcher Monozyten und Makrophagen erkennt sowie CD34, welches auf endothelialen Zellen exprimiert wird. Des Weiteren wurden T- und B-Lymphozyten mittels CD3 sowie CD20 angefärbt. Die Auswertung erfolgte anhand einer 5-Punkte Skala (**Tabelle 45**).

Tabelle 45: Charakterisierung der verwendeten Osteosarkom, Chondrosarkom und Riesenzelltumor Paraffinschnitte.

		Ki67	CD68	CD3	CD20	CD34
Osteosarkom PP	total	2,2	2,1	0,6	0,2	2,5
	kon	2,4	1,8	0,8	0,0	2,0
	met	2,0	2,3	0,4	0,3	2,9
Chondrosarkom PP	total	0,4	1,6	0,2	0,4	1,0
Riesenzelltumor PP	total	2,2	3,9	1,2	0,4	2,7
	PT	2,4	4,0	1,3	0,4	3,0
	RT	1,9	3,6	0,8	0,4	2,0

Die Analyse erfolgte mittels einer 5-Punkte Skala, bei welcher der prozentuale Anteil an positiv gefärbten Schnitten (PP) detektiert wurde (0=keine Anfärbung, 1=1-25%, 2=26-50%, 3=51-75%, 4=76-100%). Anschließend wurde der Mittelwert aller Proben berechnet. CD3: T-Lymphozyten. CD20: B-Lymphozyten. CD34: endotheliale Zellen. CD68: Monozyten/Makrophagen. Ki67: proliferierende Zellen. kon: konventionelle Osteosarkome. met: metastatische Osteosarkome. PT: Riesenzellprimärtumor. RT.: Riesenzelltumorrezidiv.

Die meisten Osteosarkome zeigten eine mittlere Proliferationsrate bei ca. 50% (PP 2,2). Mehr CD68-positive Monozyten/Makrophagen wurden in den Metastasen (PP 2,3) verglichen zum konventionellen Subtyp (PP 1,8) festgestellt. Weiterhin konnten anhand der CD34-positiven Endothelialzellen in den metastatischen Geweben mehr Gefäße (PP 2,0) im Vergleich zu den konventionellen Proben (PP 2,9) detektiert werden. Dies lässt auf eine erhöhte Angiogenese während der Tumorentwicklung schließen. CD20-positive B-Lymphozyten waren in nur zwei Fällen feststellbar. In sieben Fällen wurden T-Lymphozyten detektiert, wobei deren Anzahl meist unter 10 lag.

Da die verwendeten Chondrosarkome viel nekrotisches Gewebe enthielten, konnten in den meisten Fällen nur wenige lebende Zellen detektiert werden. Diese bestanden zum überwiegenden Teil aus Monozyten und Makrophagen (PP 1,6) sowie CD34-positiven endothelialen Zellen (PP 1,0). Einen sehr geringen Prozentsatz mit meist unter 10 Stück pro HPF (*High Power Field*) wiesen T- und B-Lymphozyten sowie Ki67-positive proliferierende Zellen auf.

In allen Fällen konnten durch CD68-Färbung die zwei zellulären Komponenten bestehend aus multinukleären Riesenzellen und Makrophagen-ähnlichen Zellen zu fast 100% (PP 3,9) detektiert werden. Die Primärtumor wiesen mit einem PP von 4,0 mehr Monozyten/Makrophagen auf als die analysierten Rezidive (PP 3,6). Weiterhin wurden viele CD34-positive Endothelialzellen detektiert, aber nur eine geringe Anzahl an T- und B-Zellen festgestellt. Interessanterweise wurden proliferierende Zellen nicht nur in der Fibroblastenähnlichen Tumorkomponente, sondern auch in einzelnen Nuklei der multinukleären Riesenzellen detektiert (**Abbildung 47**). Dies stellt einen neuen Befund dar, da bisher angenommen wurde, dass lediglich die Fibroblasten-ähnliche Komponente proliferiert und somit als Tumorkomponente im Riesenzelltumor agiert.

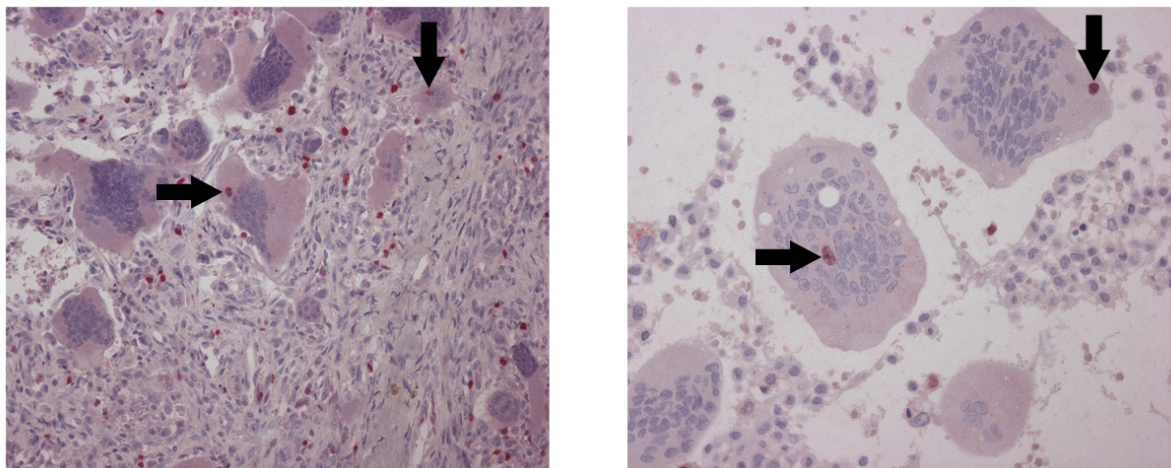


Abbildung 47: Ki67-positive Nuklei in multinukleären Riesenzellen.

Rot: Ki67-positive Zellen. Pfeile: Ki67-positive-Zellen in multinukleären Riesenzellen. Links: 200fach vergrößert. Rechts: 400fach vergrößert.

6.1.2 Erhöhte Expression von CD52 in osteogenen Tumoren

Zuerst wurden Osteosarkom-, Chondrosarkom- und Riesenzelltumor-Gewebe sowie davon abgeleitete Zelllinien mittels RT-PCR auf ihre mRNS-Expression hin untersucht. Als Kontrollgewebe zum Osteosarkom wurden HOBc-Zellen und für die Chondrosarkome eine Chondrozyten-Primärkultur verwendet. Für Riesenzelltumore ist bisher noch kein nicht-neoplastisches Gegenstück gefunden worden. CD52-exprimierende Lymphomzellen (Hut78) und Gewebe der Milz wurden zusätzlich als Positivkontrolle mitgeführt.

Im weiteren Verlauf wurden Osteosarkom-, Chondrosarkom- und Riesenzelltumor-Gewebe sowie die entsprechenden Zelllinien und zusätzlich skelettales Tumorgewebe mit immunhistochemischer Färbung auf ihre CD52Expression hin untersucht. Die Auswertung erfolgte mit einer 2-Punkte Skala und der Beurteilung der Färbeintensität. Die gefärbten Schnitte der Osteosarkome, Chondrosarkome und Riesenzelltumore wurden zusätzlich mit Hilfe des IRS-Scores bewertet, bei welchem sowohl die Anzahl der positiven Zellen als auch die Intensität der Anfärbung berücksichtigt wird.

6.1.2.1 Osteosarkome und Knochen

Die analysierten Osteosarkom-Zellen und -Gewebe zeigten unterschiedliche mRNS-Expressionen (**Abbildung 48A**). Das höchste CD52-Niveau konnte in ZK58 gefunden werden. In OST, MG63 und metastatischen Osteosarkom-Gewebe wurde eine niedrige CD52-mRNS-Expression im Vergleich zur Kontrolle detektiert. In HOBc und der Osteosarkom-Zelllinie MNNG/HOS konnten vergleichbare Mengen an CD52-mRNS gefunden werden.

Als nicht-neoplastisches Kontrollgewebe zum Osteosarkom verwendeten wir für die immunhistochemische Färbung ein *Tissue Microarray* bestehend aus n=4 fötalen und n=6 adulten Knochen. **Tabelle 46** zeigt die Zusammenfassung der CD52Expression. Die Osteosarkome wurden zusätzlich mit Hilfe des IRS-Scores bewertet.

Tabelle 46: Immunhistochemische Analyse von CD52 anhand eines Knochen-TMA und Osteosarkom Paraffingewebe.

Gewebe	Typ	CD52-Expression	PP	SI	IRS
Knochen	Fötal	2/2 +++	-		
	Adult	6/6 +			
	Total	8/8			
Osteosarkom	Konventionell	7/7 +++	3,3	2,0	6,6
	Metastase	7/7 +++	3,1	1,7	5,6
	Total	14/14	3,2	1,9	6,1

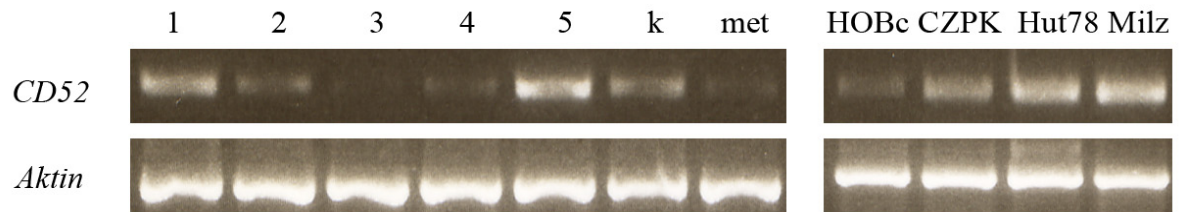
Die Auswertung erfolgte 1.) mittels einer 2-Punkte Skala (0=CD52-negativ, 1=CD52-positiv) und 2.) mittels des Immunreaktiven-Scores (IRS) des gesamten Schnittes (nur Osteosarkome). +: Grad der Färbintensität (+: schwach, ++: mittel, +++: stark). PP: Anzahl an positiven Zellen. SI: Intensität der positiv gefärbten Zellen. Von IRS, PP und SI wurden jeweils die Mittelwerte errechnet.

Verglichen zum adulten Gewebe wurde im fötalen Knochen eine hohe Anzahl an CD52-exprimierenden Zellen gefunden (**Abbildung 48B**). Die Osteoblasten zeigten eine stärkere Anfärbung als die Osteozyten. In beiden Zelltypen konnte sowohl eine zytoplasmatische als auch eine nukleäre Expression detektiert werden. Adulte ruhende Osteoblasten wiesen nur eine schwache oder keine Anfärbung des CD52-Antigens auf, während in den Osteozyten CD52 detektiert werden konnte (**Abbildung 48C**). Allgemein wurde festgestellt, dass im adulten Gewebe v. a. die reaktiven Knochenzellen eine CD52-Expression aufwiesen, während ruhende Zellen weitestgehend CD52-negativ waren.

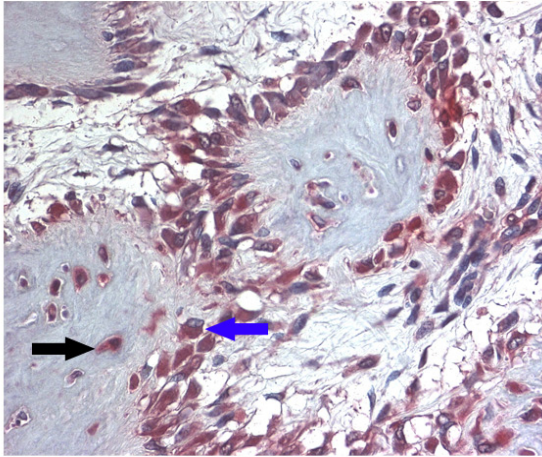
Alle analysierten Osteosarkome (14/14) wiesen eine starke CD52 Expression auf (IRS 6,1), wobei kein signifikanter Unterschied ($p=0,515$) zwischen den konventionellen und den metastatischen Subtypen festgestellt werden konnte (**Abbildung 48D**). Letztere jedoch zeigten im Allgemeinen ein geringeres Niveau an CD52 verglichen zu den konventionellen Osteosarkomen (IRS_{Metastase} 5,6, IRS_{konventionelles Osteosarkom} 6,6). Die Lokalisation des Antigens war meist zytoplasmatisch (**Abbildung 48E**). Starke CD52Färbintensitäten wurden v. a. in den Osteoblasten detektiert. Auffällig waren die CD52-positiven multinukleären Osteoklasten (**Abbildung 48D Kästchen**).

Für die osteoblastären Knochenzellen HOBc wurde keine CD52-Expression festgestellt (**Abbildung 48F**). Jedoch wiesen alle Osteosarkom Zelllinien (5/5) eine zytoplasmatische CD52 Expression mit variierenden Färbeintensitäten (schwach bis stark) auf (**Abbildung 48G**).

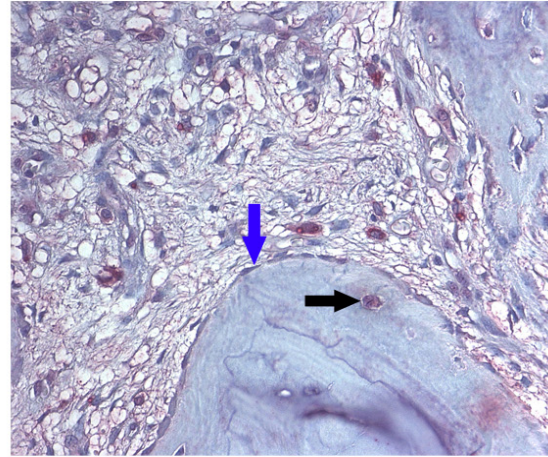
A



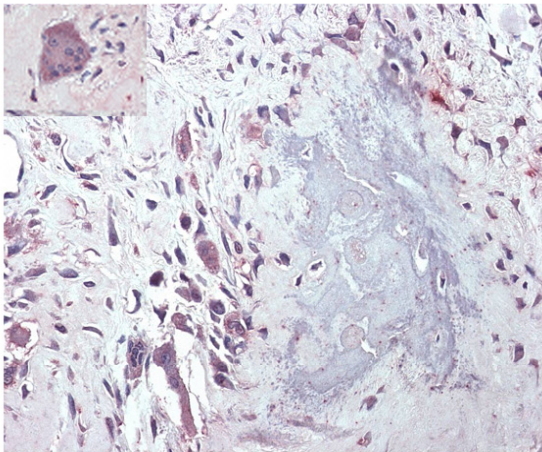
B: Fötaler Knochen



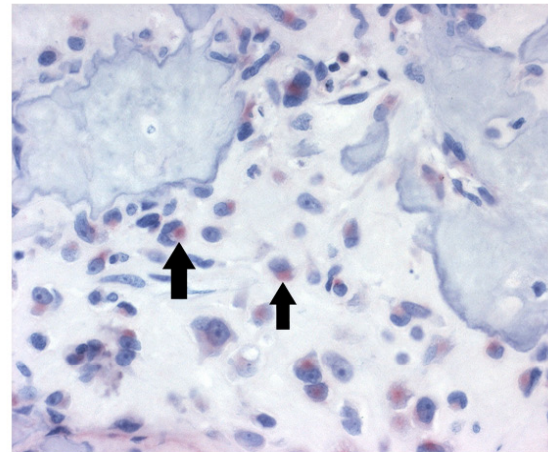
C: Adulter Knochen



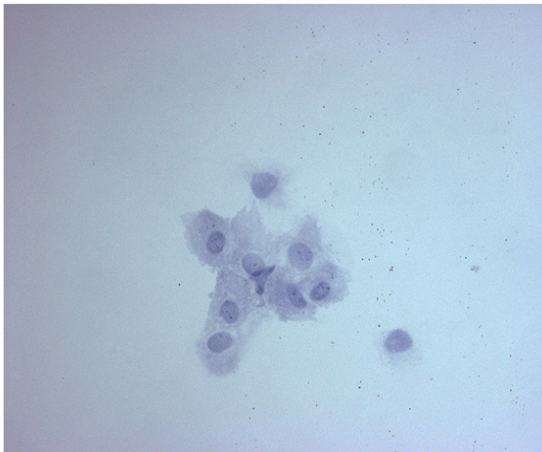
D: Osteosarkom



E: Osteosarkom



F: Osteoblasten-Zelllinie HOBc



G: Osteosarkom-Zelllinie MNNG/HOS

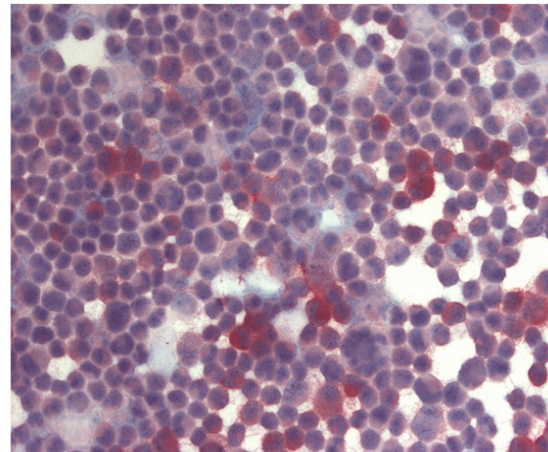


Abbildung 48: A-G: CD52 mRNA- und Protein-Expression im Knochen verglichen zum Osteosarkom.

A: mRNA-Expression von CD52 (385bp) im Osteosarkom verglichen zur Kontrolle. 1: HOS. 2: MNNG/HOS. 3: OST. 4: MG63. 5: ZK58. CZPK: ChondrozytenPrimärkultur. k: konventionelles Osteosarkom. met: Osteosarkom-Metastase. Als Ladekontrolle wurde *Aktin* verwendet. **B:** Fötaler Knochen. Die stark CD52-positiven Osteoblasten (blauer Pfeil) sowie Osteozyten (schwarzer Pfeil) sind deutlich sichtbar. 400fach vergrößert. **C:** Adulter Knochen. Keine CD52-positiven Osteoblasten (blauer Pfeil), aber schwach CD52-exprimierende Osteozyten (schwarzer Pfeil). 400fach vergrößert. **D:** Konventionelles Osteosarkom mit Tumorgrad 3. 200fach vergrößert. Kästchen: CD52-positiver multinukleärer Osteoklast (400fach vergrößert). **E:** Vermutete Golgi-Assoziation in Osteosarkom-Tumorzellen (Pfeile). 400fach vergrößert. **F:** Keine CD52-Expression in HOBC. 400fach vergrößert. **G:** MNNG/HOS. Deutliche Expressionsunterschiede innerhalb der Zellen sind sichtbar. 400fach vergrößert.

6.1.2.2 Chondrosarkome und Knorpel

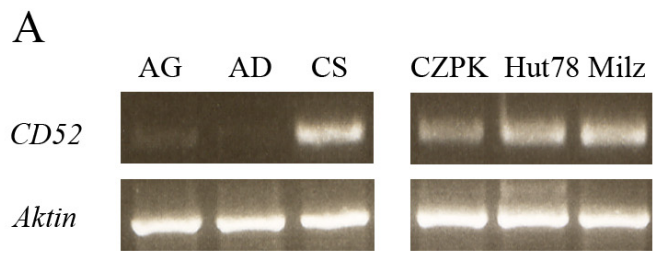
Die analysierten Chondrosarkom-Zellen und -Gewebe zeigten unterschiedliche mRNA-Expressionen (**Abbildung 49A**). Die Chondrosarkom-Zellen AG und AD wiesen im Vergleich zum Gewebe sowie zur Kontrolle geringe mRNA-Expressionen auf. Das Chondrosarkom-Gewebe hingegen zeigte ein höheres Niveau an CD52-mRNA verglichen zu den Chondrosarkom-Zellen.

Als nicht-neoplastisches Kontrollgewebe zum Chondrosarkom verwendeten wir für die immunhistochemische Färbung ein *Tissue Microarray* bestehend aus n=4 embryonalen, n=6 fötalen und n=10 adulten Knorpel. **Tabelle 47** zeigt die Zusammenfassung der CD52-Expression. Die Chondrosarkome wurden zusätzlich mit Hilfe des IRS-Scores bewertet.

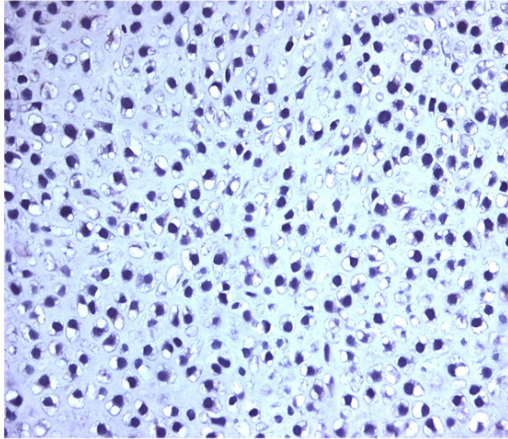
Embryonaler Knorpel wies kein CD52-Protein auf (**Abbildung 49B**). In nur einem von fünf fötalen Geweben wurde eine positive Anfärbung detektiert. Im Gegensatz dazu zeigten alle analysierten adulten Knorpel eine membranöse, zytoplasmatische und nukleäre CD52-Expression (**Abbildung 49C**).

In den analysierten Chondrosarkomen konnte der höchste IRS (IRS 7,3) verglichen mit den Osteosarkomen (IRS 6,1) und Riesenzelltumoren (IRS 6,2) festgestellt werden. Im Mittel zeigten 76-100% der Zellen (PP 3,5) eine CD52Expression mit mittlerer Färbeintensität (SI 2,1). Auch die Chondrosarkom-Fälle zeigten eine zytoplasmatische Lokalisation des Antigens. Die Chondrosarkome mit Tumorgrad 2 waren mittelstark angefärbt (**Abbildung 49D**), während jene mit Grad 3 meist eine starke Anfärbung aufwiesen (**Abbildung 49E**). Auf Grund der geringen Probenzahl konnte jedoch keine Korrelation zwischen Protein-Anfärbung und Tumorgrad errechnet werden.

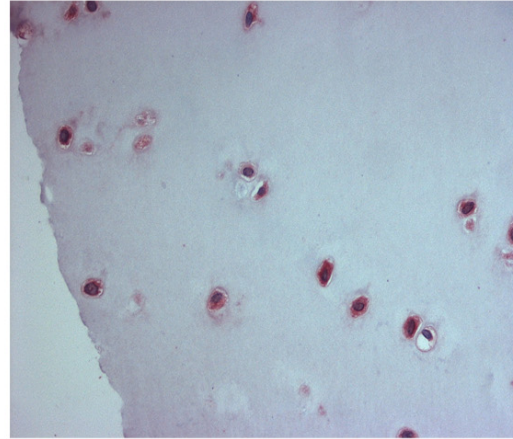
Eine schwache CD52-Positivität wurde in der Chondrozyten-Primärkultur detektiert (**Abbildung 49F**). Die beiden Chondrosarkom-Zelllinien AG (**Abbildung 49G**) und AD wiesen ebenfalls eine schwache bis mittlere Anfärbung von CD52 auf.



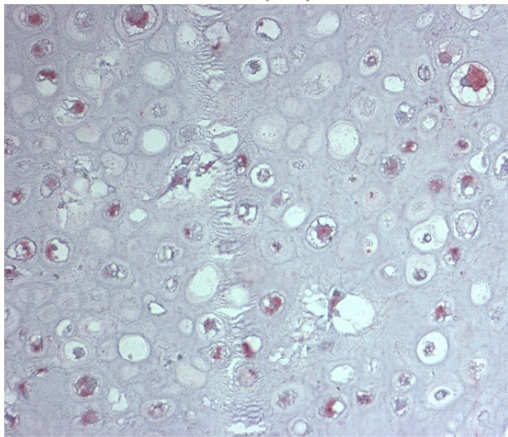
B: Embryonaler Knorpel



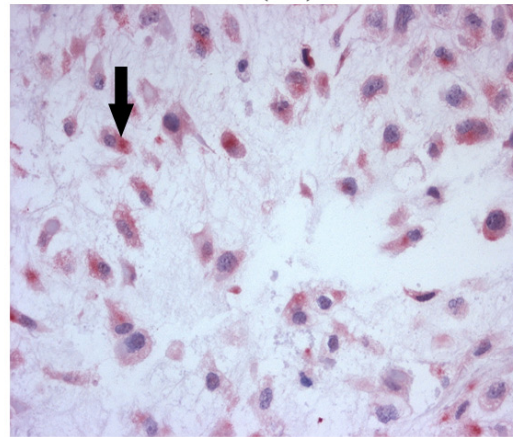
C: Adulter Knorpel



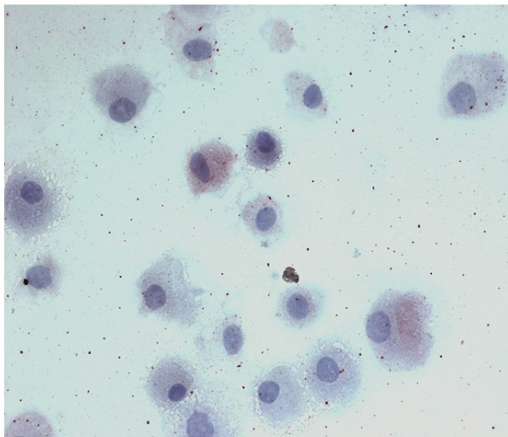
D: Chondrosarkom (G2)



E: Chondrosarkom (G3)



F: Chondrozyten-Primärkultur



G: Chondrosarkom-Zelllinie AG

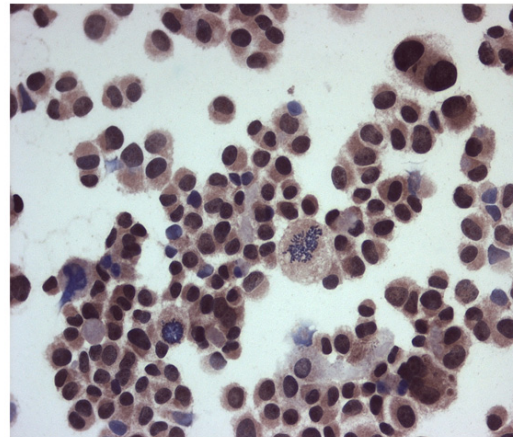


Abbildung 49: A-G: CD52 mRNA- und Protein-Expression im Knorpel verglichen zum Chondrosarkom.

A: mRNA-Expression von CD52 (385bp) im Chondrosarkom verglichen zur Kontrolle. CS: Chondrosarkom-Gewebe (Primärtumor). CZPK: Chondrozyten-Primärkultur. Als Ladekontrolle wurde *Aktin* verwendet. **B:** CD52-negativer embryonaler Knorpel. 400fach vergrößert. **C:** Adulter Knorpel. CD52 wird in den Chondrozyten exprimiert. 400fach vergrößert. **D:** Chondrosarkom mit Tumorgrad 2. 400fach vergrößert. **E:** Chondrosarkom mit Tumorgrad 3. Zytoplasmatische und vermutete Golgi-assoziierte CD52-Expression (Pfeil). 400fach vergrößert. **F:** Geringe CD52-Expression in Chondrozyten-Zellen. 400fach vergrößert. **G:** CD52-Expression in der Chondrosarkom-Zelllinie AG. 400fach vergrößert.

Tabelle 47: Immunhistochemische Analyse von CD52 anhand eines Knorpel-TMA und Chondrosarkom Paraffingewebe.

Gewebe	Typ	CD52-Expression	PP	SI	IRS
Knorpel	Embryonal	0/3	-		
	Fötal	1/5 +			
	Adult	10/10 +++			
	Total	11/18			
Chondrosarkom		6/6 +++	3,5	2,1	7,3

Die Auswertung erfolgte 1.) mittels einer 2Punkte Skala (0=CD52-negativ, 1=CD52-positiv) und 2.) mittels des Immunreaktiven-Scores (IRS) des gesamten Schnittes (nur Chondrosarkome). +: Grad der Färbeintensität (+: schwach, ++: mittel, +++: stark). PP: Anzahl an positiven Zellen. SI: Intensität der positiv gefärbten Zellen. Von IRS, PP und SI wurden jeweils die Mittelwerte errechnet.

6.1.2.3 Riesenzelltumore

Die Analyse der Riesenzelltumore mittels RT-PCR zeigte keine Expressionsunterschiede zwischen *in vitro* und *in vivo* verglichen zur Kontrolle (**Abbildung 50A**).

18/18 Primärtumore und 8/8 Rezidive wiesen eine CD52-Expresion auf. **Tabelle 48** zeigt die Zusammenfassung des IRS-Scores der CD52-Expression im Riesenzelltumor. Die Makrophagen-ähnlichen und multinukleären Riesenzellen wiesen eine mittlere CD52-Expression (SI 1,7) auf. Fibroblasten-ähnliche Zellen

waren negativ. Die Färbeintensität schwankte sehr stark zwischen den Proben, aber auch innerhalb der einzelnen Schnitte (**Abbildung 50B**). Durch die Doppelfärbung CD52:Ki67 konnten die einzelnen Zellkomponenten auf ihre CD52-Expression hin untersucht werden (**Abbildung 50C**). Ki67⁺CD52⁻ waren Fibroblasten-ähnliche Zellen, Ki67⁺CD52⁺ und Ki67⁻CD52⁺ Makrophagen-ähnliche sowie multinukleäre Riesenzellen. Weiterhin wurden Ki67⁺CD52⁺ multinukleäre Riesenzellen detektiert. Zwischen den Primärtumoren und den Rezidiven konnte kein signifikanter Expressionsunterschied festgestellt werden ($p=0,580$). Die gesamte Immunreaktivität war vergleichbar zum Osteosarkom (IRS_{RZT} 6,2, IRS_{OS} 6,1).

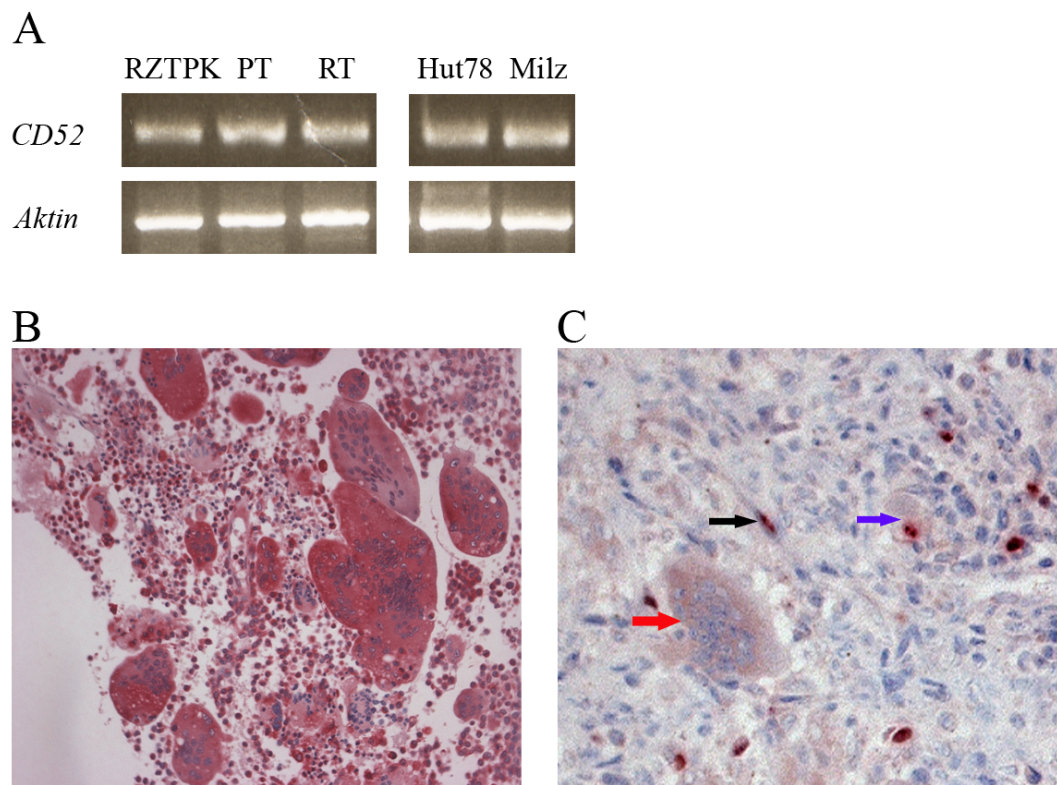


Abbildung 50: A-C: CD52 mRNA- und Protein-Expression im Riesenzelltumor.

A: mRNA-Expression von CD52 (385bp) im Riesenzelltumor. PT: Riesenzellprimärtumor. RT: Riesenzelltumorrezidiv. RZTPK: Riesenzelltumor-Primärkultur. Als Ladekontrolle wurde *Aktin* verwendet. **B:** Riesenzelltumor mit IRS 9. 400fache Vergrößerung. **C:** Doppelfärbung CD52:Ki67 im Riesenzelltumor. Ki67⁺/CD52⁻: Fibroblasten-ähnliche Zellen (schwarzer Pfeil). Ki67⁺/CD52⁺: Makrophagen-ähnliche Zellen (blauer Pfeil). Ki67⁻/CD52⁺: multinukleäre Riesenzellen (roter Pfeil). 400fache Vergrößerung.

Tabelle 48: Immunhistochemische Analyse von CD52 anhand von Riesenzelltumor Paraffingewebe.

Typ	PP	SI	IRS
Primärtumor	3,5	1,7	6,1
Rezidiv	3,6	1,8	6,6
Total	3,5	1,7	6,2

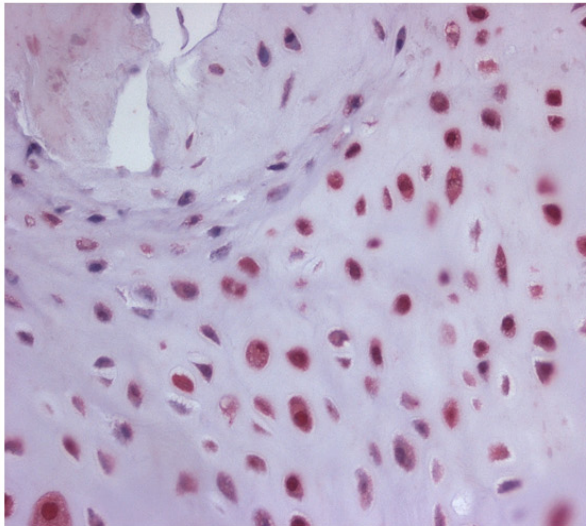
Die Auswertung erfolgte mittels des Immunreaktiven-Scores (IRS) des gesamten Schnittes. PP: Anzahl an positiven Zellen. SI: Intensität der positiv gefärbten Zellen. Von IRS, PP und SI wurden jeweils die Mittelwerte errechnet.

6.1.2.4 Skelettale Tumore

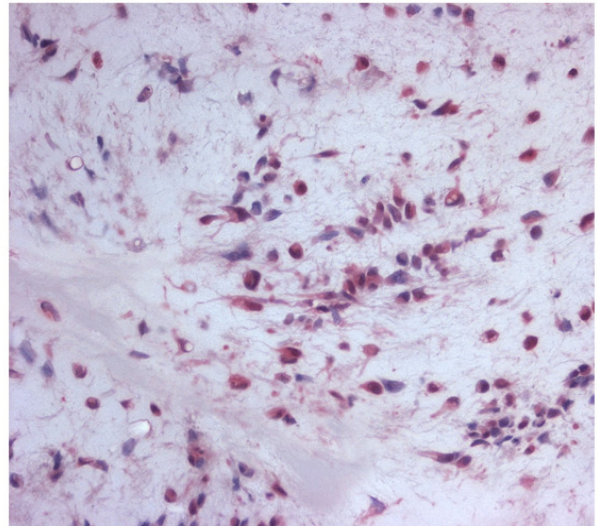
Tabelle 49 zeigt die Zusammenfassung der immunhistochemischen Färbung der skelettalen Tumore, wobei zum besseren Vergleich aller osteogenen Entitäten zusätzlich wie beschrieben die Osteosarkome, Chondrosarkome und Riesenzell-tumore mit aufgeführt wurden.

Die Analyse weiterer skelettaler Tumore ergab in 4/5 Chondromen (**Abbildung 51A**), 2/3 Osteochondromen (**Abbildung 51B**), allen Fibrosarkomen (**Abbildung 51C**), den aneurysmatischen Knochenzysten (**Abbildung 51D**) und den Osteomen (**Abbildung 51E**) eine positive Färbereaktion auf das CD52-Antigen. Die fibröse Dysplasie zeigte eine sehr schwache CD52-Expression, wobei nur die Stromazellen eine Immunreaktivität aufwiesen. (**Abbildung 51F**). In den Osteochondromen konnte eine zytoplasmatische sowie eine nukleäre CD52-Expression detektiert werden.

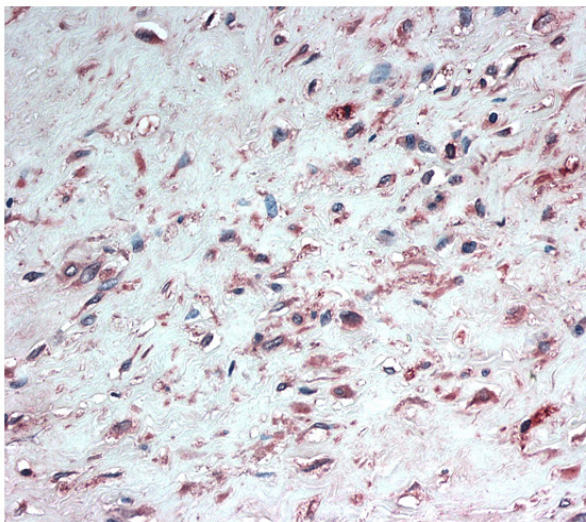
A: Chondrom



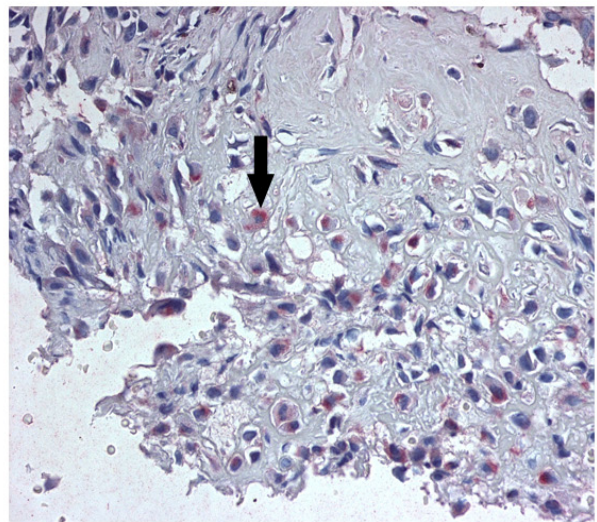
B: Osteochondrom



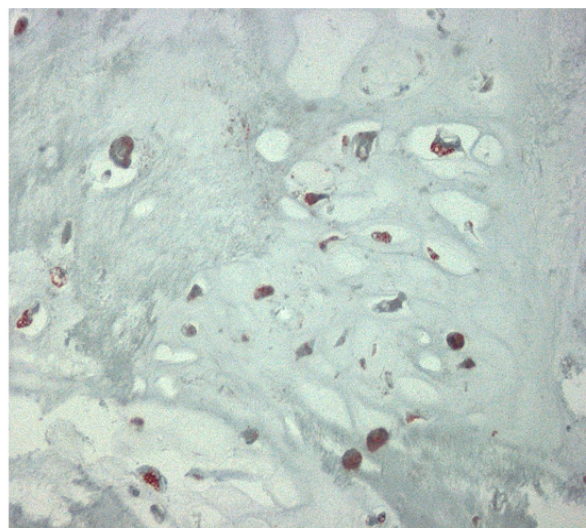
C: Fibrosarkom



D: Aneurysmatische Knochenzyste



E: Osteom



F: Fibröse Dysplasie

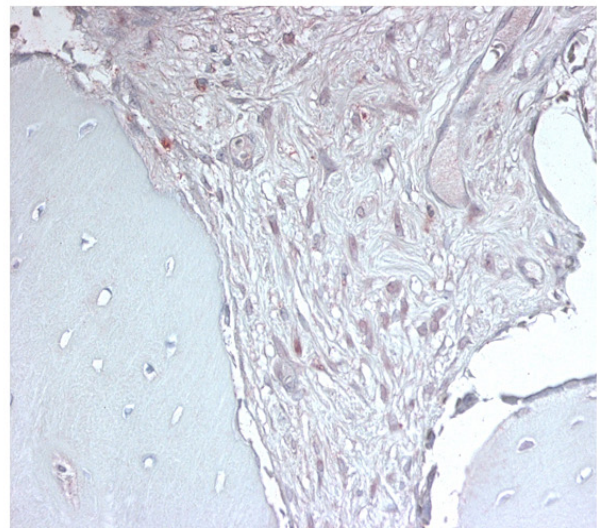


Abbildung 51: A-F: CD52-Expression in skelettalen Tumoren.

A: Chondrom. 400fache Vergrößerung. **B:** Osteochondrom. 400fache Vergrößerung. **C:** Fibrosarkom. 200fache Vergrößerung. **D:** Aneurysmatische Knochenzyste mit vermuteter Golgi-Assoziation (Pfeil). 400fache Vergrößerung. **E:** Osteom. 400fache Vergrößerung. **F:** Fibröse Dysplasie. 400fache Vergrößerung.

Tabelle 49: Immunhistochemische Analyse von CD52 anhand eines skelettalen Tumor-TMA sowie Osteosarkom, Chondrosarkom und Riesenzelltumor Paraffingewebe.

Ursprung	Tumor	Typ	Einstufung	CD52-Expression
Knorpelig	Chondrom	Enchondrom	Benigne	1/1 ++
		Periostal	Benigne	3/4 +
	Osteochondrom		Benigne	2/3 +
	Chondrosarkom		Maligne	6/6 +++
Knöchern	Osteom		Benigne	5/5 +
	Osteosarkom		Maligne	14/14 +++
Fibrös	Fibrosarkom		Maligne	3/3 +++
Undefiniert	Fibröse Dysplasie		Benigne	1/1 +
	Aneurysmatische Knochenzyste		Benigne	3/3 +
Riesenzelltumor			Semimaligne	26/26 ++

Die Auswertung erfolgte mittels einer 2-Punkte Skala (0=CD52-negativ, 1=CD52positiv). +: Grad der Färbeintensität (+: schwach, ++: mittel, +++: stark). Die solitäre Knochenzyste konnte auf Grund des beschädigten Gewebes nach dem Färbeprozess nicht bewertet werden.

Zusammenfassend konnte festgestellt werden, dass CD52 im reaktiven Knochen (fötaler Knochen) sehr stark exprimiert wurde, während ruhende Knochenzellen eine schwache bis negative CD52-Expression zeigten. Im Gegensatz dazu war embryonaler und fötaler Knorpel negativ, während im adulten Knorpel eine starke CD52-Expression detektiert werden konnte. Weiterhin ließ sich feststellen, dass innerhalb der knorpeligen Tumore eine Zunahme der Expression von benignen Entitäten (Osteochondrom +, Chondrom ++) hin zum malignem Chondrosarkom (+++) detektiert werden konnte. Verglichen zum negativen bis schwach CD52-exprimierenden Knochen bzw. benignen Osteomen wiesen die hochgradig malignen

Osteosarkome sowie fötale Knochen eine starke CD52-Anfärbung auf. Dies lässt eine Reaktivierung des embryonalen Programms im Knochen vermuten. Die beiden malignen Entitäten Osteosarkom und Chondrosarkom zeigten eine stärkere CD52-Immunreaktivität als deren benigne Vorläuferläsionen.

6.1.3 Extrazelluläre und intrazelluläre Expression von CD52

Anhand der immunhistochemischen Färbung konnte festgestellt werden, dass CD52 als GPI-verankertes Protein nicht nur auf der Oberfläche, sondern auch zytoplasmatisch exprimiert wird. Daher wurde mittels Durchflusszytometrie zusätzlich zur Oberflächenexpression auch die intrazelluläre Expression des CD52-Antigens in Osteosarkom-, Chondrosarkom- und Riesenzelltumor-Zelllinien analysiert (**Tabelle 50, Abbildung 52**). Als positive Kontrolle verwendeten wir die Lymphom-Zelllinie Hut78. Die Auswertung der Daten erfolgte am DRFZ (Deutsches Rheumaforschungszentrum) von Dr. Andreas Grützkau.

Die Analyse der Oberflächenexpression von CD52 erbrachte in der Riesenzelltumor-Primärkultur mit rund 20% die höchste Expression im Vergleich zu den anderen analysierten nicht-neoplastischen sowie tumorösen Zellen. Die Positivkontrolle Hut78 ergab 32% CD52-exprimierende Zellen. CD52 konnte auch in den Osteosarkom-Zelllinien ZK58 (10%) und OST (11%) detektiert werden. In allen weiteren Proben wurde nur eine sehr geringe CD52-Oberflächenexpression festgestellt (MFI_{P-K} Range 0,6-2,2).

Die Chondrosarkom-Zellen AD und AG (AD 74%, AG 75%) sowie die Osteosarkom-Zellen OST (87%) wiesen einen hohen Anteil an intrazellulärem CD52 auf. Die Anfärbung der anderen Osteosarkom- und Riesenzelltumor-Zellen lag zwischen 30%-69%. In der Zelllinie HOBc konnte keine Anfärbung und in der Chondrozyten-Primärkultur mit nur 7% sehr wenig intrazelluläres CD52 detektiert werden.

In der immunhistochemischen Analyse der Riesenzelltumore konnte gezeigt werden, dass CD52 *in vivo* nur in multinukleären Riesenzellen und Makrophagenähnlichen Zellen exprimiert wird (**Kapitel 6.1.2.3**). Da nicht nur das Riesenzelltumor-Gewebe

sondern auch die Riesenzelltumor-Primärkultur aus drei unterschiedlichen Zelltypen besteht (multinukleäre Riesenzellen, Makrophagen-ähnliche Zellen, Fibroblasten-ähnliche Zellen), analysierten wir diese zusätzlich mittels CD51/61:CD52 Doppelfärbung (**Abbildung 53**). Der CD51/61-Antikörper erkennt den Vitronektinrezeptor, welcher nur auf multinukleären Riesenzellen und mononukleären Zellen mit ähnlicher Morphologie zu denen der Riesenzellen exprimiert wird (Ohsaki et al., 1992). Ca. 80% der Tumorzellen zeigten eine CD51/61Expression (mononukleäre Monozyten/Makrophagen und multinukleäre Riesenzellen). Die restlichen 20% spiegeln die fibroblastäre Komponente des Riesenzelltumors wieder (CD51/61-negativ). Rund 16% der CD51/61-positiven mononukleäre Monozyten/Makrophagen und multinukleäre Riesenzellen wiesen eine Doppelfärbung mit CD52 auf.

Tabelle 50: Bestimmung von extrazellulärem und intrazellulärem CD52 mittels Durchflusszytometrie.

	Extrazellulär						Intrazellulär					
	MF I _K	% _{0K}	MF I _P	% _{0P}	MF I _{P-K}	% _{P-K}	MF I _K	% _{0K}	MF I _P	% _{0P}	MF I _{P-K}	% _{P-K}
Hut78	2,9	2,0	18,5	34,2	6,4	32,2	3,9	2,3	34,2	94,9	8,8	92,6
HOBC	3,8	0,3	4,1	0,5	1,1	0,2	4,0	0,3	4,5	0,4	1,1	0,1
CZPK	3,6	1,7	4,0	2,9	1,1	1,2	5,0	1,2	6,8	8,0	1,4	6,8
AD	4,4	2,0	5,3	3,3	1,2	1,3	5,6	0,7	33,9	74,4	6,1	73,7
AG	6,7	2,3	4,3	1,7	0,6	-0,6	7,1	3,5	29,8	78,2	4,2	74,7
RZTPK	7,3	5,3	26,4	25,0	3,6	19,7	16,9	4,7	33,3	54,9	2,0	50,2
ZK58	4,1	0,6	8,7	11,0	2,1	10,4	5,8	1,2	14,4	50,4	2,5	49,2
OST	15,7	5,3	14,7	16,4	0,9	11,1	5,5	2,5	37,8	89,6	6,9	87,1
HOS	2,5	0,5	3,5	3,9	1,4	3,4	3,4	1,7	11,3	70,6	3,3	68,9
MG63	3,7	0,2	5,5	2,4	1,5	2,2	5,9	1,1	10,4	31,0	1,8	29,9
MNNG*	4,0	0,1	8,7	9,9	2,2	9,8	3,5	0,1	25,3	69,0	7,2	68,9

*: MNNG/HOS. %: Prozentualer Anteil positiver Zellen. %_K: % Kontrolle. %_P: % Probe. %_{P-K}: % Probe - % Kontrolle. MFI: Mittlere Fluoreszenzintensität. MFI_K: MFI Kontrolle. MFI_P: MFI Probe. MFI_{P-K}: MFI Probe - MFI Kontrolle.

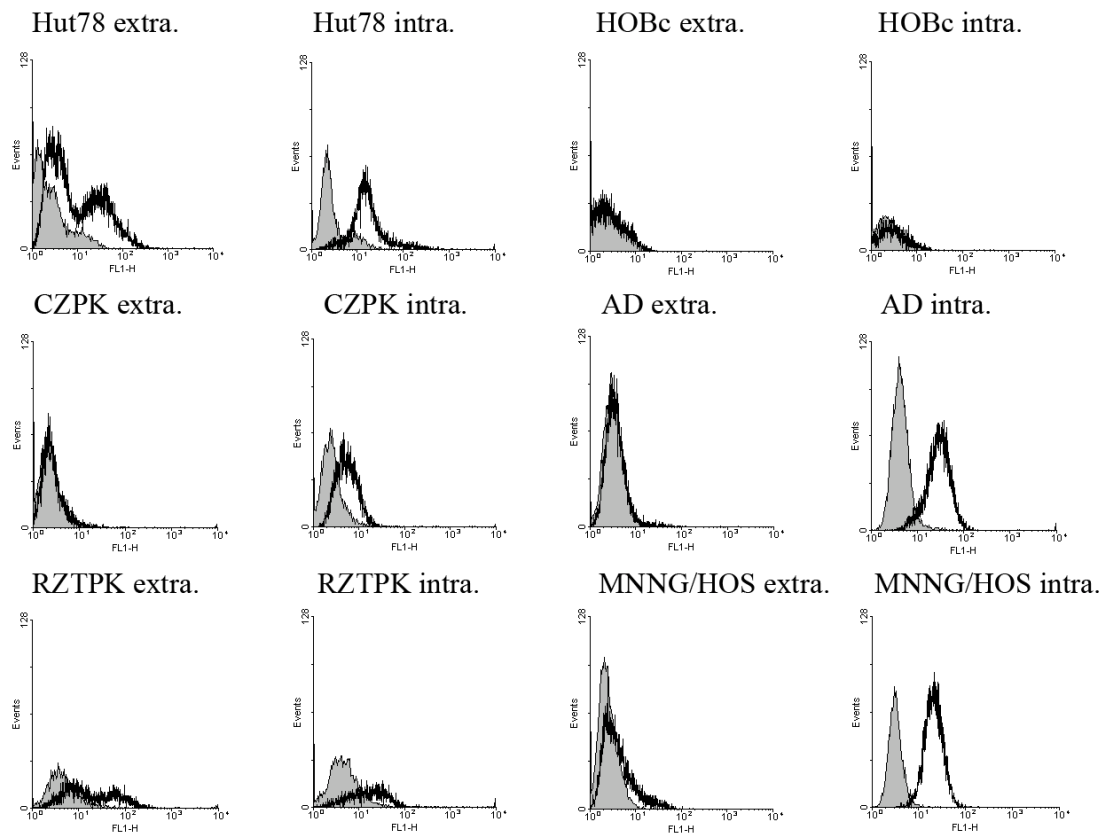


Abbildung 52: Bestimmung von extrazellulärem und intrazellulärem CD52 mittels Durchflusszytometrie.

CZPK: Chondrozyten-Primärkultur. extra: extrazelluläre CD52Färbung. intra: intrazelluläre CD52-Färbung. RZTPK: Riesenzelltumor-Primärkultur. Graue Kurven: Kontrolle (Ig-Ratte). Schwarze Kurven: CD52:FITC.

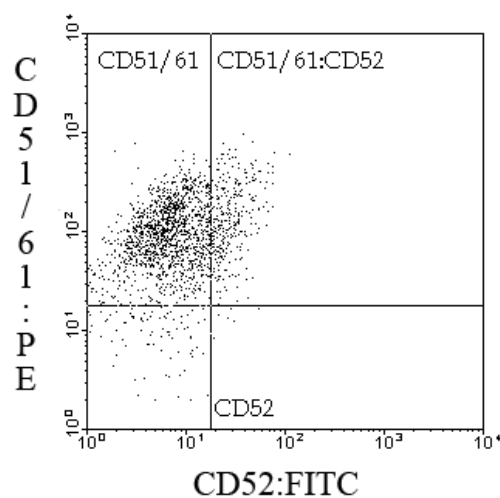


Abbildung 53: CD52:CD51/61 Doppelfärbung in Riesenzelltumor-Primärkultur.

6.1.4 Behandlung von Osteosarkom-Zellen mit CAMPATH-1H

Der letzte Abschnitt der CD52-Analyse wurde dem Versuch gewidmet, Osteosarkom-Zellen mittels CAMPATH-1H zu inhibieren, da dieser Antikörper derzeit therapeutisch bei der Behandlung der chronisch lymphatischen Leukämie eingesetzt wird und möglicherweise auch für andere Tumore in Frage kommt.

6.1.4.1 Komplement-vermittelte zelluläre Zytotoxizität von CAMPATH-1H

In mehreren Studien konnte gezeigt werden, dass CAMPATH-1H durch Komplement-vermittelte zelluläre Zytotoxizität lymphozytäre Zellen zerstören kann. Daher wurden MNNG/HOS Zellen, welche mit 10% eine recht hohe Oberflächenexpression im Vergleich zu den anderen analysierten Osteosarkom-Zelllinien aufwiesen, mit 50µg/ml und 100µg/ml CAMPATH-1H unter Zugabe von 10% humanem Serum für 24h behandelt. Zur Kontrolle wurde inaktiviertes humanes Serum verwendet. Anschließend erfolgte die Bestimmung der Proliferationsrate mittels MTT-Assay. Es konnte eine signifikante Reduktion der proliferierenden MNNG/HOS Zellen bei Zugabe von 50µg/ml CAMPATH-1H ($p=0,026$) und bei 100µg/ml CAMPATH-1H ($p=0,021$) festgestellt werden (**Abbildung 54**).

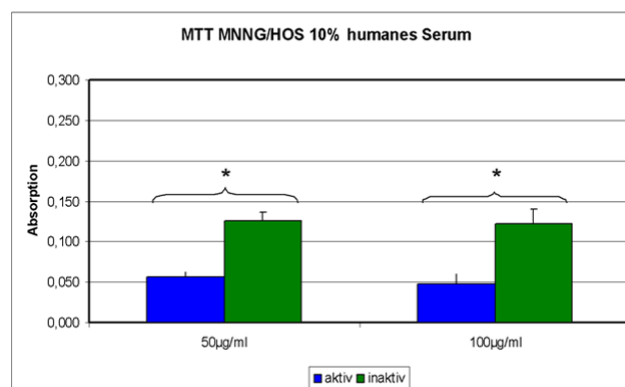


Abbildung 54: Serum-vermittelte Wachstumshemmung von MNNG/HOS Zellen durch CAMPATH-1H.

Zugabe von 50µg/ml und 100µg/ml CAMPATH-1H für 24h in 10% humanem Serum (blaue Balken) bzw. 10% hitzeinaktiviertem humanem Serum (grüne Balken).

6.1.4.2 Antikörper-vermittelte Toxizität von CAMPATH-1H

Des Weiteren wurde überprüft, ob der CAMPATH-1H Antikörper auch in Abwesenheit von Serum zur Hemmung von MNNG/HOS führen kann. Es konnte sowohl eine Dosis-Abhängigkeit (**Abbildung 55A**) als auch eine zeitlich signifikante (Student's *t*-Test) Proliferationshemmung der Zellen unter CAMPATH-1H-Behandlung festgestellt werden (**Abbildung 55B**).

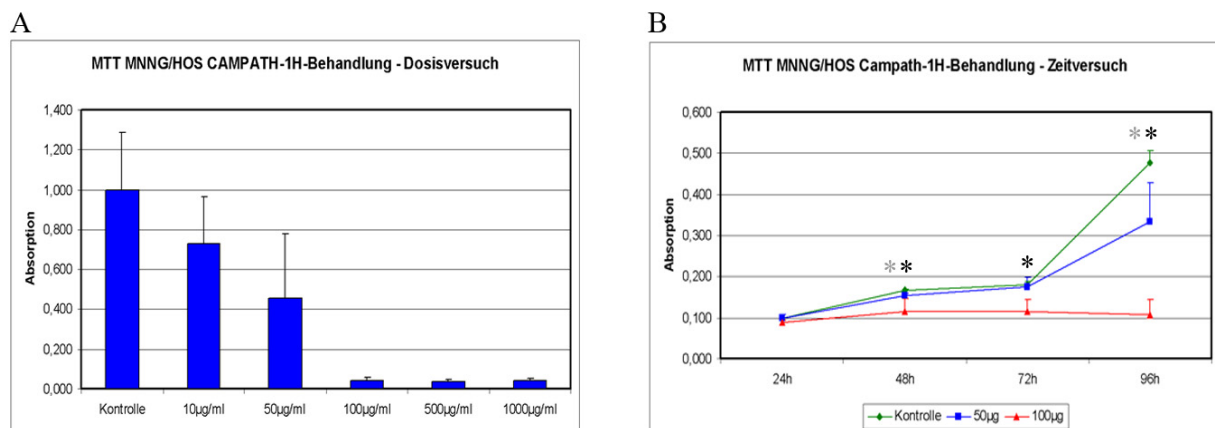


Abbildung 55: A-B: Zeit- und Dosis-vermittelte Wachstumshemmung von MNNG/HOS Zellen durch CAMPATH-1H in Abwesenheit von humanem Serum.

A: Dosis-Abhängigkeit. **B:** Zeit-Abhängigkeit. Kontrolle: Ohne Zugabe von CAMPATH-1H. graue Sterne: signifikant zwischen Kontrolle und 50 µg/ml CAMPATH-1H. schwarze Sterne: signifikant zwischen Kontrolle und 100 µg/ml CAMPATH-1H.

Ob die Antikörper-vermittelte Zerstörung der Zellen durch Apoptose gesteuert wird, wurde zusätzlich mittels Western blot analysiert. Apoptotische Zellen aktivieren durch „Todessignale“ den Caspase-Signalweg, an dessen Ende das 116kDa schwere PARP-Protein (Poly[ADP-Ribose]-Polymerase) gespalten wird, was anhand einer weiteren Bande bei 85kDa sichtbar ist. Wird PARP nicht gespalten, verläuft der Vorgang der Hemmung Caspase-unabhängig. Im Falle der CAMPATH-1H

behandelten MNNG/HOS Zellen wurde kein Spaltprodukt detektiert (**Abbildung 56**).

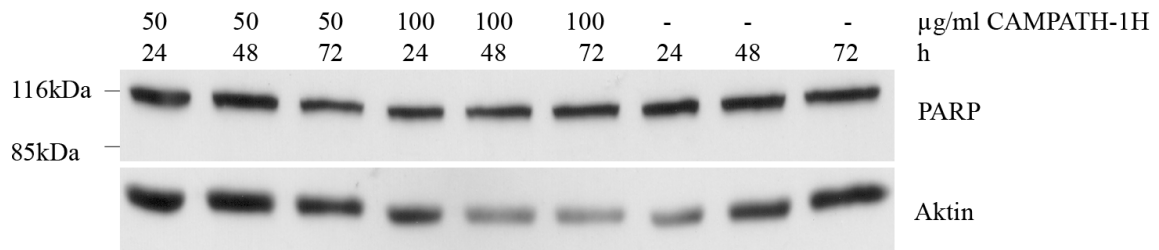


Abbildung 56: Caspase-unabhängige Wachstumshemmung durch CAMPATH-1H.

MNNG/HOS wurde für 24-72h mit 50µg/ml und 100µg/ml CAMPATH-1H behandelt. Anschließend wurden die Zellen isoliert und mittels Western blot auf ihre PARP-Expression hin untersucht. Aktin diente als Ladekontrolle. -: unbehandelte Zellen.

6.2 Diskussion

CD52 ist mit nur 12 Aminosäuren das kürzeste GPI-verankerte Zelloberflächenprotein, das je gefunden wurde (Xia et al., 1993). Am C-Terminus ist es mit der GPI-Domäne in der Membran verankert und N-terminal stark glykosyliert (Treumann et al., 1995; Xia et al., 1993; Xia et al., 1991). CD52 wurde bisher nur auf Lymphozyten (= L-CD52; **Abbildung 3 und Tabelle 2**), Monozyten, Makrophagen und Eosinophilen sowie in den epithelialen Zellen der Epididymis, im Seminalplasma und in ausgereiften Spermien des männlichen Reproduktionstraktes gefunden (= S-CD52; **Abbildung 3 und Tabelle 2**) (Elsner et al., 1996; Hale et al., 1993; Hale et al., 1983; Hale et al., 1985; Hale et al., 1990; Kirchhoff, 1996; Kirchhoff et al., 1993; Krull et al., 1993; Riechmann et al., 1988; Xia et al., 1993; Yeung et al., 1997). Seine Expression konnte nur in hämatologischen bzw. Autoimmun-Erkrankungen beschrieben werden (**Tabelle 3**).

Die unterschiedlichen Expressionsmuster von CD52 in den Microarray Analysen der Riesenzelltumore und Osteosarkome veranlassten uns, CD52 in mesenchymalen Tumoren näher zu analysieren. Wir untersuchten die mRNS- und Protein-Expression von CD52 *in vivo* und *in vitro* anhand hoch maligner Osteosarkome und Chondrosarkome, wobei als nicht-neoplastische Gegenstücke Knochen und Knorpel verwendet wurden. Weiterhin wurden semimaligne Riesenzelltumore und diverse benigne Knochen- und Knorpeltumore auf ihre CD52Expression hin untersucht.

6.2.1 CD52 in mesenchymalen Tumoren

Im Rahmen dieser Arbeit konnte erstmals die Expression von CD52 in mesenchymalen Tumoren (M-CD52) beschrieben werden. Die Riesenzelltumore zeigten im Microarray CD52 als abreguliert in den Rezidiven gegenüber den Primärtumoren. Hingegen wurde CD52 als aufreguliert in den Metastasen verglichen zu den konventionellen Osteosarkomen gefunden.

Generell wiesen alle untersuchten Proben eine große Heterogenität in ihrer CD52-Expression auf. Das Problem der Heterogenität in den Osteosarkomen und Riesenzelltumoren wurde zuvor schon in **Kapitel 4.3 und 5.2** diskutiert. Im Rahmen der Microarray Analyse konnte keine Unterscheidung zwischen der lymphozytären und monozytären Expression von CD52 und jener in den Tumorzellen getroffen werden. Die unterschiedliche Expression von CD52 in den Geweben beruht daher zum Teil auf den variablen Anteilen lymphozytärer und osteogener Zellen der Osteosarkome. In den Metastasen kommen mehr Monozyten/Makrophagen vor als in den konventionellen Osteosarkomen, da es sich bei den Metastasen um Lungengewebe handelt (**Tabelle 45**). Somit wird vermutlich der CD52-mRNS-Anteil in den Metastasen artifiziell erhöht, was die beobachtete Aufregulation im Array erklären könnte. Im Gegensatz dazu kommen in den Rezidiven im Vergleich zu den Riesenzellprimärtumoren weniger Lymphozyten und Makrophagen vor (**Tabelle 45**), wodurch wahrscheinlich eine artifiziell im Microarray erzeugte Abregulation hervorgerufen wurde. Anhand der immunhistochemischen Validierung konnte gezeigt werden, dass zwischen konventionellen und metastatischen Osteosarkomen sowie zwischen Primärtumoren und Riesenzelltumorrezidiven kein signifikanter Unterschied in der Tumorzell-CD52-Expression (M-CD52) besteht.

6.2.2 Die CD52-Expression korreliert mit dem Grad der Malignität

Vergleicht man den Malignitätsgrad aller untersuchten Entitäten innerhalb der skelettalen Tumore lässt sich feststellen, dass benigne Tumore CD52 gering exprimierten, semimaligne Tumore ein mittelgradiges Niveau an CD52 aufwiesen und die hoch malignen Tumore eine starke CD52-Expression zeigten. Innerhalb der knorpeligen Tumor-Gewebe konnte beispielsweise eine Zunahme der Protein-Expression von benignen Entitäten (Osteochondrom +, Chondrom ++) hin zum malignem Chondrosarkom (+++) festgestellt werden. Diese Zunahme der Expression wurde auch in Patienten mit chronisch lymphatischer Leukämie (CLL) beobachtet, bei denen ein höheres Niveau an löslichem CD52 mit aggressiveren Stadien dieser Krankheit assoziiert ist (Albitar et al., 2004). Somit kann vermutet werden, dass die

CD52-Expression sowohl in hämatopoetischen als auch in den mesenchymalen Tumoren mit dem Grad der Malignität zunimmt. In wie fern jedoch CD52 funktionell an dieser Progression beteiligt ist, kann anhand unserer Studie nicht gezeigt werden. Weiterhin müssen die statistischen Unterschiede zwischen benignen und malignen Tumoren sowie Normalgewebe anhand eines größeren Patientenkollektivs erhärtet werden.

6.2.3 Mögliche Reaktivierung des embryonalen Programms im Knochen

Im Gegensatz zum Knorpel wurde im Knochen beobachtet, dass CD52 im fötalen reaktiven Knochen (v. a. in den osteoblastären Zellen) sehr stark exprimiert wird, während ruhende adulte Knochenzellen eine schwache oder keine CD52-Expression zeigten. Auch in HOBc konnte kein CD52-Protein detektiert werden. Dies korreliert mit den meist negativen adulten ruhenden Knochenzellen im Gewebe, da HOBc aus adulten Knochenzellen etabliert wurde. Im Osteosarkom wiesen die benignen knöchernen Osteome eine geringe, die hochgradig malignen Osteosarkome jedoch eine starke CD52-Anfärbung auf. Vor allem in den osteoblastären Tumorzellen konnte ein hoher Anteil an CD52 detektiert werden. Dieses Muster lässt eine Reaktivierung des embryonalen Programms in den malignen Osteosarkomen vermuten.

Ein Beispiel für eine solche Reaktivierung embryonaler Proteine in Tumoren ist das *Carcinoembryonic Antigen* (CEA), welches erstmals 1965 von Gold und Freedman in Colonkarzinomen entdeckt wurde (Gold und Freedman, 1965). CEA ist ein extrazelluläres Glykoprotein, welches in Zell-Adhäsionsprozesse involviert ist. Es wird während der fötalen Entwicklung exprimiert, jedoch stoppt die Produktion des CEA-Proteins bei der Geburt. Daher kann es im Gewebe und Blut gesunder Erwachsener nicht nachgewiesen werden. Erhöhte CEA-Werte konnten aber im Blut von starken Rauchern gezeigt werden. Weiterhin wurde eine erhöhte Expression von CEA in den Seren von Patienten mit Colon-, Magen-, Pankreas-, Lungen- und Mammakarzinomen gefunden (Gold und Freedman, 1965). Auch bei Patienten mit

Osteosarkomen konnte ein erhöhtes Serum-Niveau von CEA festgestellt werden (Cortes et al., 1977). Der Befund, das gespaltenes CEA im Serum verschiedener Patienten nachweisbar ist, gilt als Charakteristikum für das Auftreten von Rezidiven nach chirurgischer Entfernung.

GPI-verankerte Proteine wie CD52 können von der Oberfläche gespalten werden. Die Immunhistochemie zeigte keine signifikanten Unterschiede zwischen primären und rezidivierenden Riesenzelltumoren, jedoch konnte tendenziell eine Erhöhung von CD52 in den Rezidiven beobachtet werden. Vermutlich kann CD52 in Riesenzelltumoren als Markerprotein dienen, wobei bisher nicht klar ist, ob CD52 in diesen Tumoren von der Oberfläche gespalten wird. Jedoch konnte das aktive „shedding“ der CD52-Moleküle von der Zelloberfläche schon bei der Untersuchung von Spermien beschrieben werden (Kirchhoff und Schroter, 2001). Es wurde gezeigt, dass lösliches CD52 (sCD52) zum Schutz vor Adhäsion der Spermien aneinander oder an andere Zellen notwendig ist. Vergleichbar zu CEA konnte im Plasma von Patienten mit CLL, Non-Hodgkin`s Lymphomen und Hodgkin`s Krankheiten sCD52 nachgewiesen werden (Albitar et al., 2004; Giles et al., 2003). Im Falle der CLL kann sCD52 vermutlich als Tumormarker genutzt werden, da der erhöhte Wert des löslichen CD52 mit aggressiveren Stadien der CLL assoziiert ist. Zusätzlich konnte eine positive Korrelation mit der Anzahl an zirkulierenden Leukämiezellen gezeigt werden (Albitar et al., 2004). In wie weit CD52 eine Rolle als Markerprotein im Serum von Patienten mit Osteosarkomen oder Riesenzelltumoren spielt, könnte von Bedeutung sein und sollte genauer analysiert werden.

6.2.4 Mögliche Funktion von CD52 in mesenchymalen Tumoren:

Schutz vor Adhäsion oder Beteiligung an Zellfusion?

Warum einige Proteine mit einem GPI-Anker exprimiert werden, ist unklar. Auch die tatsächliche Funktion des GPI-Ankers ist bis heute nicht bekannt. Versuche haben gezeigt, dass die GPI-Verankerung für eine schnelle Bewegung der Proteine innerhalb der Membran verantwortlich ist (Ishihara et al., 1987). Weiterhin scheint die GPI-Verankerung als „Sortiersignal“ zur apikalen Oberfläche von polarisierten

Endothelzellen eine entscheidende Rolle zu spielen ((Brown et al., 1989; Lisanti et al., 1989; Lisanti et al., 1990). *Stefanova et al. 1991* vermuteten die Beteiligung von GPI-verankerten Proteinen und deren Komplexbildung mit Tyrosinkinassen bei Signaltransduktionsprozessen (Stefanova et al., 1991). Beispielsweise wurden nicht-kovalent gebundene Komplexe von CD48, CD52, CD55 und CD59 mit Tyrosinkinassen gefunden (Cinek und Horejsi, 1992).

Die biologische Funktion des GPI-Proteins CD52 ist bis heute unklar. *Kirchhoff und Schroter 2001* vermuteten, dass durch die an die Plasmamembran der Spermien angrenzende negativ geladene, dichte Glykokalyx aus S-CD52 die Selbst-Agglutination der Spermien bzw. die unspezifische Bindung an das Epithel des Genitaltraktes während des Transports oder der Lagerung verhindert wird.

An der Invasionsfront vieler epithelialer Tumore kommt es zum Verlust von E-Cadherin. Dies führt dazu, dass sich einzelne Tumorzellen aus dem Tumorverband herauslösen und in das Wirtsgewebe eindringen. Die Invasion sowie Migration setzt eine gut koordinierte Interaktion zwischen Tumorzelle und extrazellulärer Matrix mit Ausbilden und Lösen adhäsiver Kontakte voraus (Ben-Ze'ev, 1997). In den mesenchymalen Osteosarkomen konnte ein Verlust bzw. eine Miss-Expression diverser Cadherine und Catenine bestätigt werden (Kashima et al., 1999; Kashima et al., 2003; Kawaguchi et al., 1999). Zum Beispiel wurde gezeigt, dass Osteoblasten im normalen Knochen viel N-Cadherin sowie Cadherin 11 exprimieren, während diese im Osteosarkom deutlich geringer vorliegen (Cheng et al., 1998; Kashima et al., 1999). Auch konnte bestätigt werden, dass die verminderte Expression beider Cadherine die pulmonale Metastasierung von Osteosarkomen fördert (Kashima et al., 2003). Im Gegensatz zu N-Cadherin und Cadherin-11 fehlt die Expression von CD52 im normalen Knochen. Im Gegensatz zu den Cadherinen wird CD52 im Osteosarkom aufreguliert. Normale Osteoblasten auf der Oberfläche von Knochen und Osteoid sind durch „*Adherence Junctions*“ verbunden (Palumbo et al., 1990), an denen Cadherine und Catenine lokalisiert sind (Tsukita et al., 1992). Dieser interzelluläre Adhäsionsmechanismus fehlt in Osteosarkomen (Grundmann et al., 1981; Williams et al., 1976). Der Verlust der Zell-Zell-Adhäsion durch abregulierte Cadherine bei gleichzeitig erhöhter Expression von CD52 in hochgradig malignen Tumoren wie

Chondrosarkomen und Osteosarkomen verglichen zum Normalgewebe könnte die Zellen vor Adhäsion schützen und ihnen dadurch die Invasion und Migration erleichtern. Zusätzlich konnte in Riesenzelltumoren und Chondrosarkomen eine verminderte Expression von β -Catenin und *pan*-Cadherin im Vergleich zu normalen Knochen und Knorpel detektiert werden (Monaghan et al., 2001), während beide eine erhöhte Expression von CD52 aufwiesen. Daher ist es denkbar, dass CD52 in mesenchymalen Tumoren die Adhäsion senkt.

Diese Hypothese steht im Widerspruch zu einer möglichen Beteiligung von CD52 an der Fusion der multinukleären Riesenzellen aus den monozytären Vorläuferzellen (multinukleäre Osteoklasten, abriebinduzierte multinukleäre Riesenzellen und multinukleäre Riesenzellen im Riesenzelltumor). CD52 konnte in den Makrophagen-ähnlichen Zellen sowie in den multinukleären Riesenzellen detektiert werden. Auch die multinukleären Osteoklasten der Osteosarkome wiesen das Antigen auf. In einer früheren Untersuchung konnte gezeigt werden, dass multinukleäre Riesenzellen bei der abriebinduzierten periprothetischen Membran CD52 exprimieren (Guenther et al., 2005; Gunther et al., 2005). Vermutlich erfüllt CD52 in Zellen, die von unterschiedlichen Vorläuferzellen abstammen, unterschiedliche Funktionen. In den aus hämatopoetischen Stammzellen gebildeten Monozyten/Makrophagen sowie Tumor-Makrophagen kann CD52 als Fusionsprotein dienen (siehe multinukleäre Riesenzellen und Osteoklasten), während es in den mesenchymalen Tumorzellen als Adhäsionsschutz dienen könnte.

6.2.5 CD52 als intrazelluläres GPI-verankertes Protein: Aktive Funktion oder Defizienz in der GPI-Biosynthese?

Interessant war die Tatsache, dass wir mittels immunhistochemischer Färbung und Durchflusszytometrie CD52 nicht nur wie erwartet auf der Oberfläche der Zellen fanden, sondern auch eine intrazelluläre, zytoplasmatische Expression feststellen konnten. Bisher wurde CD52 nur in Non-Hodgkin's Lymphomen zytoplasmatisch exprimiert gefunden (Salisbury et al., 1994). Im Rahmen dieser Arbeit konnte EFNA1, ein weiteres GPI-verankertes Protein, gefunden werden, welches entgegen jeder

Vermutung nicht nur auf der Oberfläche der Zellen exprimiert wurde, sondern intrazellulär detektiert werden konnte (**Kapitel 4**). Weiterhin ist nicht bekannt, ob nicht doch mehr CD52 extrazellulär exprimiert wird, als mittels Durchflusszytometrie nachgewiesen werden konnte. Der Überstand wurde von uns nicht analysiert. Daher ist unklar, wie viel lösliches CD52 durch „*shedding*“ von der Oberfläche gespalten wurde.

Der vorgeformte GPI-Anker wird an das translationale Produkt während seines Durchganges durch die Membran des endoplasmatischen Retikulums (ER) angebracht. Anschließend wird das GPI-modifizierte Produkt im ER und Golgi-Apparat glykosyliert, bevor es an die Zelloberfläche transportiert wird. Sind GPI-Proteine intakt, findet man sie extrazellulär exprimiert vor (Schroter, 1999). Mögliche Ursachen für die intrazelluläre Expression von CD52 sind:

1.) Defekte in der GPI-Anker-Biosynthese:

Die intrazellulären GPI-Donoren müssen am Inositol acetyliert sein, damit der Zusammenbau von Peptid und GPI-Anker stattfinden kann (Hyman, 1988; Tanaka et al., 2004). Es besteht die Möglichkeit, dass in skelettalen Tumoren eine Störung der Acetylierung/Acylierung (Mutationen in Acetyltrasen oder Deacetyltrasen) vorliegt, wodurch der Zusammenbau des GPI-Ankers mit dem reifen CD52-Peptid nicht richtig funktioniert. Dadurch kann CD52 nicht auf die Oberfläche transportiert werden und wird am bzw. im Golgi-Apparat angereichert.

2.) GPI-Defizienz:

Defekte in der GPI-Biosynthese wurden in Blutzellen von Patienten mit paroxysmaler nächtlicher Hämoglobinurie (PNH) gefunden (Rosse, 1990). Wie bereits erwähnt konnte das GPI-verankerte EFNA1 in Osteosarkomen auch intrazellulär detektiert werden. Da jedoch sowohl bei M-CD52 als auch bei EFNA1 Struktur- und Biosyntheseanalysen des GPI-Ankers fehlen, können GPI-Defizienzen nur spekuliert werden. Weitere Studien sind daher notwendig, um das Phänomen der möglichen generellen GPI-Defizienz in skelettalen Tumoren zu analysieren.

3.) Transportfehler des GPI-Ankers:

Die letzten Aminosäuren der Sequenz der GPI-Proteine beinhalten die Information, die für die Anlagerung des GPI-Ankers an den COOH-Terminus des sezernierten Peptids sowie die Fusion des GPI-Proteins in der Plasmamembran mittels des GPI-Ankers notwendig sind (Caras und Weddell, 1989; Moran et al., 1991). Fehlen diese Sequenzen oder liegen diese mutiert vor, bewirkt das ein Zurückhalten der Proteine, wodurch diese im Golgi-Apparat bleiben (Medof et al., 1996). In den mittels Durchflusszytometrie analysierten Tumoren könnten solche Sequenzen vorliegen, die ein Zurückhalten von M-CD52 bewirken. Somit wäre auch die Golgi-assoziierte Lokalisation in einigen Tumorzellen zu erklären. Eine Sequenzanalyse von M-CD52 im Vergleich zu L-CD52 wäre daher sinnvoll.

4.) Glykosylierung:

Die Glykosylierung von Proteinen schützt diese vor proteolytischer Spaltung, dient als Signal für den intrazellulären Transport und kann das Wachstum, Wandern und die Verteilung von Zellen beeinflussen. Ratten-CD52 weist eine erhebliche O-Glykosylierung auf (Derr et al., 2001), während eine O-Glykosylierung des humanen S-CD52 vorerst ausgeschlossen wurde (Schroter et al., 1999). *Ermini et al. 2005* zeigten jedoch, dass sowohl L-CD52 als auch S-CD52 eine OGlycan-beinhaltende Form aufweisen (Ermini et al., 2005). Diese führt wahrscheinlich dazu, dass CD52 in Lipidmikrodomänen angereichert wird, wobei die Funktion dieser Verteilung bisher noch unklar ist. In wie fern M-CD52 O- oder N-glykosyliert vorliegt, konnte bisher nicht nachgewiesen werden, da der eingesetzte Antikörper nur das Kernpeptid sowie Teile des GPI-Ankers erkennt. Eine Strukturanalyse im Vergleich zu L-CD52 und S-CD52 wäre sinnvoll.

6.2.6 CAMPATH-1H als mögliche Therapie in Osteosarkomen

20 Jahre lang wurden monoklonale Antikörper fast ausschließlich zu diagnostischen Zwecken in der Hämatologie und Onkologie verwendet. Der Einsatz von

monoklonalen Antikörpern zur Behandlung von Patienten mit einer Vielzahl von Krankheiten setzte neue Perspektiven in der zielgerichteten Tumorthherapie (Mellstedt, 2003; **Winter und Milstein**, 1991). Auf Grund seiner hohen Dichte auf den Lymphozyten (5% der Zelloberfläche) ist CD52 ein ausgesprochen gutes Ziel für die Antikörpertherapie. Andere Charakteristiken wie seine geringe Größe, seine Resistenz gegenüber Modulationen wie Umverteilung auf der Zellmembran oder Endozytose sprechen ebenfalls dafür.

Der erste klinisch getestete CD52-Antikörper war CAMPATH-1M, ein RattenIgM-Antikörper. Später wurde daraus eine IgG_{2b}-Variante, CAMPATH-1G, entwickelt. Dieser hat dieselbe Spezifität gegenüber Lymphozyten und Monozyten wie CAMPATH-1M (Hale et al., 1987). Im weiteren Verlauf wurde der CAMPATH-1G-Antikörper humanisiert (Riechmann et al., 1988). CAMPATH-1H (Alemtuzumab) wurde schließlich von der FDA (*Food and Drug Administration*) für die Behandlung der chronisch lymphatischen Leukämie (CLL) zugelassen (Keating et al., 2002). Die CLL ist die am häufigsten vorkommende Leukämieart in Nordamerika und Europa. Sie resultiert aus der neoplastischen Proliferation CD5-positiver B-Lymphozyten im peripheren Blut, Knochenmark und Lymphknoten (Diehl et al., 1999). In der Zwischenzeit wird CAMPATH-1H als Therapie bei diversen Krankheiten getestet (**Tabelle 3**). Die genauen Mechanismen von CDC (Komplement-vermittelte zelluläre Zytotoxizität) und ADCC (Antikörper-vermittelte zelluläre Zytotoxizität) via CAMPATH-1G und CAMPATH-1H sind bis heute unklar.

Ein weiterer Mechanismus, durch welchen Antikörper zur Zerstörung von Lymphozyten führen, ist der programmierte Zelltod ((Mapara et al., 1993; Peter et al., 1995). Die Quervernetzung von CD52 auf normalen humanen T-Lymphozyten löst die klonale Expansion normaler humaner T-Lymphozyten aus (Rowan et al., 1998). Die Quervernetzung von CD52 auf B- und T-Tumorzelllinien resultiert hingegen in deren Wachstumsinhibierung (Rowan et al., 1998). Ursache ist die Induktion der Apoptose, wobei diese unabhängig vom Fas/Fas-Liganden-Signalweg ist (Rowan et al., 1998). Dies steht im Einklang mit anderen Studien, bei denen CD52-Quervernetzung in B-Zelllinien im Gegensatz zu T-Zelltumoren unabhängig von Fas-Signalweg zur Apoptose führt (Peter et al., 1995). Weiterhin konnte eine Caspase-

unabhängige Form der Apoptose in Ramos-Zellen (Burkitt-Lymphom) durch CAMPATH-1H hervorgerufen werden (Stanglmaier et al., 2004). Die Autoren zeigten eine Reduktion der Zellviabilität unter der Zugabe von CAMPATH-1H und einem quervernetzenden Antikörper. Apoptotische Zellen detektierten sie durch die Zunahme an Annexin V-positiven Zellen. Der gleiche Effekt der Erhöhung apoptotischer Zellen unter CAMPATH-1H und dem quervernetzenden Antikörper konnte mittels DiOC6 (3, 3'-Dihexyloxacarbocyanin, Iodid) nachgewiesen werden. Dass diese Art der Apoptose Caspase-unabhängig verlaufen muss, stellten *Stanglmeier et al.* durch Western blot Analyse mittels eines anti-PARP- und anti-PKC- δ -Antikörpers dar. Im Gegensatz dazu steht die Studie von *Smolewski et al.* 2005, bei der eine Caspase-abhängige Form der Apoptose nach CAMPATH-1H-Behandlung in peripheren Blutzellen isoliert aus Patienten mit CLL nachgewiesen wurde (Smolewski et al., 2005).

In unserer Studie behandelten wir MNNG/HOS Osteosarkom-Zellen mit CAMPATH-1H sowohl in Anwesenheit als auch in Abwesenheit von humanem Komplement. Wir beobachteten eine signifikante Reduktion der proliferierenden Zellen sowohl Komplement-vermittelt als auch unabhängig davon. Bei der Komplement-unabhängigen Reduktion proliferierender Zellen mittels CAMPATH-1H konnte nicht nachgewiesen werden, ob Apoptose oder Zellzyklus-Arrest induziert wird. *In vivo* können synergistische Effekte zwischen allen drei Varianten der Proliferationshemmung (toxischer Antikörper, ADCC und CDC) jedoch nicht ausgeschlossen werden, da die genauen Mechanismen derzeit noch unverstanden sind.

Weitere Analysen *in vitro* und *in vivo* sind notwendig, um die Wirkmechanismen des CAMPATH-1H Antikörpers in skelettalen Tumoren zu untersuchen. Anhand von Strukturanalysen wurden die Unterschiede zwischen SCD52 und L-CD52 aufgezeigt (Schroter et al., 1999; Treumann et al., 1995). Es wäre daher sinnvoll zu testen, ob sich M-CD52 in skelettalen Tumoren auch strukturell von den beiden bisher bekannten CD52-Formen unterscheidet. Gerade die strukturellen Unterschiede zwischen L-CD52 und M-CD52 sind für eine eventuelle Therapie dieser Tumore mit dem CAMPATH-1H Antikörper wichtig.

6.2.7 Zusammenfassung

Anhand der mit Microarray, RT-PCR und immunhistochemisch durchgeführten Studie diverser skelettaler Tumore konnte erstmals gezeigt werden, dass nicht nur normale und maligne hämatopoetische Zellen sowie Zellen im männlichen Genitaltrakt CD52 exprimieren, sondern dass CD52 neben den Lymphozyten auch in den Tumorzellen benigner, semimaligner und maligner skelettaler Entitäten vorkommen kann. Auch wurde erstmals eine Expression des CAMPATH-Antigens in nicht-neoplastischen Knochen und Knorpel beschrieben. Weiterhin konnte gezeigt werden, dass CD52 in skelettalen Tumoren zum Großteil intrazellulär exprimiert vorliegt. Gründe für diese Art der Expression konnten bisher nur vermutet werden, da sich unsere Analyse nur auf die immunhistochemischen sowie durchflusszytometrischen Daten stützt. Funktionelle sowie strukturelle Analysen wären sinnvoll, um das CD52-Antigen und deren Bedeutung in skelettalen Tumoren und eine mögliche Therapie mit CAMPATH-1H weiter zu untersuchen.

Literaturliste

Abraham, S.; Knapp, D. W.; Cheng, L.; Snyder, P. W.; Mittal, S. K.; Bangari, D. S.; Kinch, M.; Wu, L.; Dhariwal, J. und Mohammed, S. I. (2006): Expression of EphA2 and Ephrin A-1 in carcinoma of the urinary bladder, Clin Cancer Res 12 [2], Seite 353-60.

Andres, A. C.; Reid, H. H.; Zurcher, G.; Blaschke, R. J.; Albrecht, D. und Ziemiecki, A. (1994): Expression of two novel eph-related receptor protein tyrosine kinases in mammary gland development and carcinogenesis, Oncogene 9 [5], Seite 1461-7.

Andres, A. C. und Ziemiecki, A. (2003): Eph and ephrin signaling in mammary gland morphogenesis and cancer, J Mammary Gland Biol Neoplasia 8 [4], Seite 475-85.

Arndt, C. A. und Crist, W. M. (1999): Common musculoskeletal tumors of childhood and adolescence, N Engl J Med 341 [5], Seite 342-52.

Barak, Y.; Gottlieb, E.; Juven-Gershon, T. und Oren, M. (1994): Regulation of mdm2 expression by p53: alternative promoters produce transcripts with nonidentical translation potential, Genes Dev 8 [15], Seite 1739-49.

Bartley, T. D.; Hunt, R. W.; Welcher, A. A.; Boyle, W. J.; Parker, V. P.; Lindberg, R. A.; Lu, H. S.; Colombero, A. M.; Elliott, R. L.; Guthrie, B. A. und et al. (1994): B61 is a ligand for the ECK receptor protein-tyrosine kinase, Nature 368 [6471], Seite 558-60.

Benassi, M. S.; Molendini, L.; Gamberi, G.; Ragazzini, P.; Sollazzo, M. R.; Merli, M.; Asp, J.; Magagnoli, G.; Balladelli, A.; Bertoni, F. und Picci, P. (1999): Alteration of pRb/p16/cdk4 regulation in human osteosarcoma, Int J Cancer 84 [5], Seite 489-93.

Bielack, S. S.; Kempf-Bielack, B.; Delling, G.; Exner, G. U.; Flege, S.; Helmke, K.; Kotz, R.; Salzer-Kuntschik, M.; Werner, M.; Winkelmann, W.; Zoubek, A.; Jurgens, H. und Winkler, K. (2002): Prognostic factors in high-grade osteosarcoma of the extremities or trunk: an analysis of 1,702 patients treated on neoadjuvant cooperative osteosarcoma study group protocols, J Clin Oncol 20 [3], Seite 776-90.

Bindon, C.I.; Hale, G. und Waldmann, H. (1988): Importance of antigen specificity for complement-mediated lysis by monoclonal antibodies., *Eur J Immunol.* 18 [10], Seite 1507-1514.

Bjornland, K.; Flatmark, K.; Pettersen, S.; Aaasen, A. O.; Fodstad, O. und Maelandsmo, G. M. (2005): Matrix metalloproteinases participate in osteosarcoma invasion, *J Surg Res* 127 [2], Seite 151-6.

Bos, J. L. (1989): ras oncogenes in human cancer: a review, *Cancer Res* 49 [17], Seite 4682-9.

Bovenkamp, D. E. und Greer, P. A. (2001): Degenerate PCR-based cloning method for Eph receptors and analysis of their expression in the developing murine central nervous system and vasculature, *DNA Cell Biol* 20 [4], Seite 203-13.

Bowen, A. L.; Zomas, A.; Emmett, E.; Matutes, E.; Dyer, M. J. und Catovsky, D. (1997): Subcutaneous CAMPATH-1H in fludarabine-resistant/relapsed chronic lymphocytic and B-prolymphocytic leukaemia, *Br J Haematol* 96 [3], Seite 617-9.

Boyd, A. W. und Lackmann, M. (2001): Signals from Eph and ephrin proteins: a developmental tool kit, *Sci STKE* 2001 [112], Seite RE20.

Brittis, P. A.; Lu, Q. und Flanagan, J. G. (2002): Axonal protein synthesis provides a mechanism for localized regulation at an intermediate target, *Cell* 110 [2], Seite 223-35.

Bruckner, K.; Pasquale, E. B. und Klein, R. (1997): Tyrosine phosphorylation of transmembrane ligands for Eph receptors, *Science* 275 [5306], Seite 1640-3.

Campanacci, M (1999): Bone Tumors, Lippincott-Verlag, Seite 1418-1468.

Carrasco, C.H. und Murray, J.A. (1989): Giant cell tumors, *Orthop Clin North Am* 20, Seite 395-405.

Coles, A. J.; Wing, M. G.; Molyneux, P.; Paolillo, A.; Davie, C. M.; Hale, G.; Miller, D.; Waldmann, H. und Compston, A. (1999): Monoclonal antibody treatment exposes three mechanisms underlying the clinical course of multiple sclerosis, *Ann Neurol* 46 [3], Seite 296-304.

Committee, Eph Nomenclature (1997): Unified nomenclature for Eph family receptors and their ligands, the ephrins. Eph Nomenclature Committee, Cell 90 [3], Seite 403-4.

Cordon-Cardo, C. (1995): Mutations of cell cycle regulators. Biological and clinical implications for human neoplasia, Am J Pathol 147 [3], Seite 545-60.

Cox, A. L.; Thompson, S. A.; Jones, J. L.; Robertson, V. H.; Hale, G.; Waldmann, H.; Compston, D. A. und Coles, A. J. (2005): Lymphocyte homeostasis following therapeutic lymphocyte depletion in multiple sclerosis, Eur J Immunol 35 [11], Seite 3332-42.

D'Amico, T. A.; Aloia, T. A.; Moore, M. B.; Conlon, D. H.; Herndon, J. E., 2nd; Kinch, M. S. und Harpole, D. H., Jr. (2001): Predicting the sites of metastases from lung cancer using molecular biologic markers, Ann Thorac Surg 72 [4], Seite 1144-8.

Dahlin, D. C. und Coventry, M. B. (1967): Osteogenic sarcoma. A study of six hundred cases, J Bone Joint Surg Am 49 [1], Seite 101-10.

Dahlin, D. C. und Unni, K. K. (1977): Osteosarcoma of bone and its important recognizable varieties, Am J Surg Pathol 1 [1], Seite 61-72.

Dail, M.; Richter, M.; Godement, P. und Pasquale, E. B. (2006): Eph receptors inactivate R-Ras through different mechanisms to achieve cell repulsion, J Cell Sci 119 [Pt 7], Seite 1244-54.

David, J. P.; Mehic, D.; Bakiri, L.; Schilling, A. F.; Mandic, V.; Priemel, M.; Idarraga, M. H.; Reschke, M. O.; Hoffmann, O.; Amling, M. und Wagner, E. F. (2005): Essential role of RSK2 in c-Fos-dependent osteosarcoma development, J Clin Invest 115 [3], Seite 664-72.

Davy, A. und Soriano, P. (2005): Ephrin signaling in vivo: look both ways, Dev Dyn 232 [1], Seite 1-10.

Dearden, C. (2004): Alemtuzumab in peripheral T-cell malignancies, Cancer Biother Radiopharm 19 [4], Seite 391-8.

- Dearden, C. E. (2002): Alemtuzumab in lymphoproliferate disorders, *Rev Clin Exp Hematol* 6 [4], Seite 435-48; discussion 449-50.
- Dearden, C. E.; Matutes, E.; Cazin, B.; Tjonnfjord, G. E.; Parreira, A.; Nomdedeu, B.; Leoni, P.; Clark, F. J.; Radia, D.; Rassam, S. M.; Roques, T.; Ketterer, N.; Brito-Babapulle, V.; Dyer, M. J. und Catovsky, D. (2001): High remission rate in T-cell prolymphocytic leukemia with CAMPATH-1H, *Blood* 98 [6], Seite 1721-6.
- Dickey, I. D.; Rose, P. S.; Fuchs, B.; Wold, L. E.; Okuno, S. H.; Sim, F. H. und Scully, S. P. (2004): Dedifferentiated chondrosarcoma: the role of chemotherapy with updated outcomes, *J Bone Joint Surg Am* 86-A [11], Seite 2412-8.
- Dodelet, V. C. und Pasquale, E. B. (2000): Eph receptors and ephrin ligands: embryogenesis to tumorigenesis, *Oncogene* 19 [49], Seite 5614-9.
- Dorfman, H. D. und Czerniak, B. (1995): Bone cancers, *Cancer* 75 [1 Suppl], Seite 203-10.
- Drescher, U.; Bonhoeffer, F. und Muller, B. K. (1997): The Eph family in retinal axon guidance, *Curr Opin Neurobiol* 7 [1], Seite 75-80.
- Dyer, M. J.; Hale, G.; Hayhoe, F. G. und Waldmann, H. (1989): Effects of CAMPATH-1 antibodies in vivo in patients with lymphoid malignancies: influence of antibody isotype, *Blood* 73 [6], Seite 1431-9.
- Easty, D. J. und Bennett, D. C. (2000): Protein tyrosine kinases in malignant melanoma, *Melanoma Res* 10 [5], Seite 401-11.
- Eisenman, R. N. und Cooper, J. A. (1995): Signal transduction. Beating a path to Myc, *Nature* 378 [6556], Seite 438-9.
- Elsner, J.; Hochstetter, R.; Spiekermann, K. und Kapp, A. (1996): Surface and mRNA expression of the CD52 antigen by human eosinophils but not by neutrophils, *Blood* 88 [12], Seite 4684-93.
- Enblad, G.; Hagberg, H.; Erlanson, M.; Lundin, J.; MacDonald, A. P.; Repp, R.; Schetelig, J.; Seipelt, G. und Osterborg, A. (2004): A pilot study of alemtuzumab (anti-

CD52 monoclonal antibody) therapy for patients with relapsed or chemotherapy-refractory peripheral T-cell lymphomas, *Blood* 103 [8], Seite 2920-4.

Ettenger, R. B. und Yadin, O. (1995): The potential role of therapeutic antibodies in the regulation of rejection, *Transplant Proc* 27 [5 Suppl 1], Seite 13-7.

Faderl, S.; Coutre, S.; Byrd, J. C.; Dearden, C.; Denes, A.; Dyer, M. J.; Gregory, S. A.; Gribben, J. G.; Hillmen, P.; Keating, M.; Rosen, S.; Venugopal, P. und Rai, K. (2005): The evolving role of alemtuzumab in management of patients with CLL, *Leukemia* 19 [12], Seite 2147-52.

Fearon, E. R. und Vogelstein, B. (1990): A genetic model for colorectal tumorigenesis, *Cell* 61 [5], Seite 759-67.

Ferguson, W. S. und Goorin, A. M. (2001): Current treatment of osteosarcoma, *Cancer Invest* 19 [3], Seite 292-315.

Flanagan, J. G. und Vanderhaeghen, P. (1998): The ephrins and Eph receptors in neural development, *Annu Rev Neurosci* 21, Seite 309-45.

Fletcher, DM., Unni, KK., Mertens, F. (2002): Tumours of soft tissue and bone 5, World Health Organization Classification of Tumours, IARC Press, Lyon, ISBN: 92 832 2413 2.

Franchi, A.; Calzolari, A. und Zampi, G. (1998): Immunohistochemical detection of c-fos and c-jun expression in osseous and cartilaginous tumours of the skeleton, *Virchows Arch* 432 [6], Seite 515-9.

Gamberi, G.; Benassi, M. S.; Bohling, T.; Ragazzini, P.; Molendini, L.; Sollazzo, M. R.; Pompetti, F.; Merli, M.; Magagnoli, G.; Balladelli, A. und Picci, P. (1998): C-myc and c-fos in human osteosarcoma: prognostic value of mRNA and protein expression, *Oncology* 55 [6], Seite 556-63.

Gamberi, G.; Serra, M.; Ragazzini, P.; Magagnoli, G.; Pazzaglia, L.; Ponticelli, F.; Ferrari, C.; Zanasi, M.; Bertoni, F.; Picci, P. und Benassi, M. S. (2003): Identification of markers of possible prognostic value in 57 giant cell tumors of bone, *Oncol Rep* 10 [2], Seite 351-6.

Ganju, P.; Shigemoto, K.; Brennan, J.; Entwistle, A. und Reith, A. D. (1994): The Eck receptor tyrosine kinase is implicated in pattern formation during gastrulation, hindbrain segmentation and limb development, *Oncogene* 9 [6], Seite 1613-24.

Ghert, MA.; Rizzo, M.; Harrelson, JM. und Scully, SP. (2002): Giant cell tumor in the appendicular skeleton, *Clin Orthop* 400, Seite 201-210.

Giles, F. J.; Vose, J. M.; Do, K. A.; Johnson, M. M.; Manshour, T.; Bociek, G.; Bierman, P. J.; O'Brien, S. M.; Keating, M. J.; Kantarjian, H. M.; Armitage, J. O. und Albitar, M. (2003): Circulating CD20 and CD52 in patients with non-Hodgkin's lymphoma or Hodgkin's disease, *Br J Haematol* 123 [5], Seite 850-7.

Gilleece, M. H. und Dexter, T. M. (1993): Effect of Campath-1H antibody on human hematopoietic progenitors in vitro, *Blood* 82 [3], Seite 807-12.

Giralt, S. (2006): The role of alemtuzumab in nonmyeloablative hematopoietic transplantation, *Semin Oncol* 33 [2 Suppl 5], Seite S36-43.

Gisselsson, D.; Palsson, E.; Hoglund, M.; Domanski, H.; Mertens, F.; Pandis, N.; Sciort, R.; Dal Cin, P.; Bridge, J. A. und Mandahl, N. (2002): Differentially amplified chromosome 12 sequences in low- and high-grade osteosarcoma, *Genes Chromosomes Cancer* 33 [2], Seite 133-40.

Gorlick, R.; Huvos, A. G.; Heller, G.; Aledo, A.; Beardsley, G. P.; Healey, J. H. und Meyers, P. A. (1999): Expression of HER2/erbB-2 correlates with survival in osteosarcoma, *J Clin Oncol* 17 [9], Seite 2781-8.

Grana, X.; Garriga, J. und Mayol, X. (1998): Role of the retinoblastoma protein family, pRB, p107 and p130 in the negative control of cell growth, *Oncogene* 17 [25], Seite 3365-83.

Greenwood, J.; Clark, M. und Waldmann, H. (1993): Structural motifs involved in human IgG antibody effector functions, *Eur J Immunol* 23 [5], Seite 1098-104.

Hale, C.; Bartholomew, M.; Taylor, V.; Stables, J.; Topley, P. und Tite, J. (1996): Recognition of CD52 allelic gene products by CAMPATH-1H antibodies, *Immunology* 88 [2], Seite 183-90.

Hale, G. (2001): Cd52 (Campath1), J Biol Regul Homeost Agents 15 [4], Seite 386-91.

Hale, G. ; Rye, PD.; Warford, A.; Lauder, I. und Brito-Babapulle, A. (1993): The glycosylphosphatidylinositol-anchored lymphocyte antigen CDw52 is associated with the epididymal maturation of human spermatozoa, J Reprod Immunol 23 [2], Seite 189-205.

Hale, G.; Bright, S.; Chumbley, G.; Hoang, T.; Metcalf, D.; Munro, A. J. und Waldmann, H. (1983): Removal of T cells from bone marrow for transplantation: a monoclonal antilymphocyte antibody that fixes human complement, Blood 62 [4], Seite 873-82.

Hale, G.; Clark, M. und Waldmann, H. (1985): Therapeutic potential of rat monoclonal antibodies: isotype specificity of antibody-dependent cell-mediated cytotoxicity with human lymphocytes, J Immunol 134 [5], Seite 3056-61.

Hale, G.; Dyer, M. J.; Clark, M. R.; Phillips, J. M.; Marcus, R.; Riechmann, L.; Winter, G. und Waldmann, H. (1988): Remission induction in non-Hodgkin lymphoma with reshaped human monoclonal antibody CAMPATH-1H, Lancet 2 [8625], Seite 1394-9.

Hale, G. und Waldmann, H. (1994): Control of graft-versus-host disease and graft rejection by T cell depletion of donor and recipient with Campath-1 antibodies. Results of matched sibling transplants for malignant diseases, Bone Marrow Transplant 13 [5], Seite 597-611.

Hale, G.; Xia, MQ.; Tighe, HP.; Dyer, MJ. und Waldmann, H. (1990): The CAMPATH-1 antigen (CDw52), Tissue Antigens 35 [3], Seite 118-27.

Hanahan, D. und Weinberg, R. A. (2000): The hallmarks of cancer, Cell 100 [1], Seite 57-70.

Heit, W.; Bunjes, D.; Wiesneth, M.; Schmeiser, T.; Arnold, R.; Hale, G.; Waldmann, H. und Heimpel, H. (1986): Ex vivo T-cell depletion with the monoclonal antibody Campath-1 plus human complement effectively prevents acute graft-versus-host disease in allogeneic bone marrow transplantation, Br J Haematol 64 [3], Seite 479-86.

Herath, N. I.; Spanevello, M. D.; Sabesan, S.; Newton, T.; Cummings, M.; Duffy, S.; Lincoln, D.; Boyle, G.; Parsons, P. G. und Boyd, A. W. (2006): Over-expression of Eph

and ephrin genes in advanced ovarian cancer: ephrin gene expression correlates with shortened survival, BMC Cancer 6, Seite 144.

Hess, A. R.; Seftor, E. A.; Gardner, L. M.; Carles-Kinch, K.; Schneider, G. B.; Seftor, R. E.; Kinch, M. S. und Hendrix, M. J. (2001): Molecular regulation of tumor cell vasculogenic mimicry by tyrosine phosphorylation: role of epithelial cell kinase (Eck/EphA2), Cancer Res 61 [8], Seite 3250-5.

Himanen, J. P. und Nikolov, D. B. (2003): Eph receptors and ephrins, Int J Biochem Cell Biol 35 [2], Seite 130-4.

Hinds, P. W.; Mitnacht, S.; Dulic, V.; Arnold, A.; Reed, S. I. und Weinberg, R. A. (1992): Regulation of retinoblastoma protein functions by ectopic expression of human cyclins, Cell 70 [6], Seite 993-1006.

Hirai, H.; Maru, Y.; Hagiwara, K.; Nishida, J. und Takaku, F. (1987): A novel putative tyrosine kinase receptor encoded by the eph gene, Science 238 [4834], Seite 1717-20.

Holm, R.; Knopp, S.; Suo, Z.; Trope, C. und Nesland, J. (2006): Expression of EphA2 and EphrinA-1 in vulvar carcinomas and its relation to prognosis, J Clin Pathol.

Hudziak, R. M.; Schlessinger, J. und Ullrich, A. (1987): Increased expression of the putative growth factor receptor p185HER2 causes transformation and tumorigenesis of NIH 3T3 cells, Proc Natl Acad Sci U S A 84 [20], Seite 7159-63.

Huvos, A. (1991): Bone tumors: diagnosis, treatment, and prognosis. In: Huvos AG (ed) Bone tumors: diagnosis, treatment, and prognosis, 2nd edn. Saunders, Philadelphia.

Hynes, R. O. (2002): A reevaluation of integrins as regulators of angiogenesis, Nat Med 8 [9], Seite 918-21.

Jaffe, JLL. und Poartis, R. (1940): Giant cell tumor of bone - Its pathologic appearance, grading, supposed variants and treatment, Arch Pathol 30, Seite 993-1031.

Jordan, M. B.; McClain, K. L.; Yan, X.; Hicks, J. und Jaffe, R. (2005): Anti-CD52 antibody, alemtuzumab, binds to Langerhans cells in Langerhans cell histiocytosis, Pediatr Blood Cancer 44 [3], Seite 251-4.

- Joyama, S.; Naka, N.; Tsukamoto, Y.; Yoshikawa, H. und Itoh, K. (2006): Dendritic cell immunotherapy is effective for lung metastasis from murine osteosarcoma, *Clin Orthop Relat Res* 453, Seite 318-27.
- Jung, S. T.; Moon, E. S.; Seo, H. Y.; Kim, J. S.; Kim, G. J. und Kim, Y. K. (2005): Expression and significance of TGF-beta isoform and VEGF in osteosarcoma, *Orthopedics* 28 [8], Seite 755-60.
- Kang, H. G.; Kim, H. S.; Kim, K. J.; Oh, J. H.; Lee, M. R.; Seol, S. M. und Han, I. (2007): RECK expression in osteosarcoma: correlation with matrix metalloproteinases activation and tumor invasiveness, *J Orthop Res*.
- Kansara, M. und Thomas, D. M. (2007): Molecular pathogenesis of osteosarcoma, *DNA Cell Biol* 26 [1], Seite 1-18.
- Keating, M. J.; Cazin, B.; Coutre, S.; Birhiray, R.; Kovacsovics, T.; Langer, W.; Leber, B.; Maughan, T.; Rai, K.; Tjonnfjord, G.; Bekradda, M.; Itzhaki, M. und Herait, P. (2002): Campath-1H treatment of T-cell prolymphocytic leukemia in patients for whom at least one prior chemotherapy regimen has failed, *J Clin Oncol* 20 [1], Seite 205-13.
- Keating, M. J.; Flinn, I.; Jain, V.; Binet, J. L.; Hillmen, P.; Byrd, J.; Albitar, M.; Brettman, L.; Santabarbara, P.; Wacker, B. und Rai, K. R. (2002): Therapeutic role of alemtuzumab (Campath-1H) in patients who have failed fludarabine: results of a large international study, *Blood* 99 [10], Seite 3554-61.
- Kirchhoff, C. (1996): CD52 is the 'major maturation-associated' sperm membrane antigen, *Mol Hum Reprod* 2 [1], Seite 9-17.
- Kirchhoff, C.; Krull, N.; Pera, I. und Ivell, R. (1993): A major mRNA of the human epididymal principal cells, HE5, encodes the leucocyte differentiation CDw52 antigen peptide backbone, *Mol Reprod Dev* 34 [1], Seite 8-15.
- Kirk, A. D.; Hale, D. A.; Mannon, R. B.; Kleiner, D. E.; Hoffmann, S. C.; Kampen, R. L.; Cendales, L. K.; Tadaki, D. K.; Harlan, D. M. und Swanson, S. J. (2003): Results from a human renal allograft tolerance trial evaluating the humanized CD52-specific

monoclonal antibody alemtuzumab (CAMPATH-1H), Transplantation 76 [1], Seite 120-9.

Knoll, B. und Drescher, U. (2002): Ephrin-As as receptors in topographic projections, Trends Neurosci 25 [3], Seite 145-9.

Krull, N.; Ivell, R.; Osterhoff, C. und Kirchhoff, C. (1993): Region-specific variation of gene expression in the human epididymis as revealed by in situ hybridization with tissue-specific cDNAs, Mol Reprod Dev 34 [1], Seite 16-24.

Ladanyi, M.; Cha, C.; Lewis, R.; Jhanwar, S. C.; Huvos, A. G. und Healey, J. H. (1993): MDM2 gene amplification in metastatic osteosarcoma, Cancer Res 53 [1], Seite 16-8.

Lamoureaux, F.; Trichet, V.; Chipoy, C.; Blanchard, F.; Gouin, F. und Redini, F. (2007): Recent advances in the management of osteosarcoma and forthcoming therapeutic strategies, Expert Rev Anticancer Ther 7 [2], Seite 169-81.

Lindberg, R. A. und Hunter, T. (1990): cDNA cloning and characterization of eck, an epithelial cell receptor protein-tyrosine kinase in the eph/elk family of protein kinases, Mol Cell Biol 10 [12], Seite 6316-24.

Lockwood, C. M.; Hale, G.; Waldman, H. und Jayne, D. R. (2003): Remission induction in Behcet's disease following lymphocyte depletion by the anti-CD52 antibody CAMPATH 1-H, Rheumatology (Oxford) 42 [12], Seite 1539-44.

Lodish, H., Baltimore, D., Berk, A., Zipursky, S. L., Matsudaira, P., Darnell, J. (1996): Molekulare Zellbiologie, 2. Auflage. Auflage, Walter de Gruyter, Berlin, New York, ISBN: 3-11-014460-3.

Lonardo, F.; Ueda, T.; Huvos, A. G.; Healey, J. und Ladanyi, M. (1997): p53 and MDM2 alterations in osteosarcomas: correlation with clinicopathologic features and proliferative rate, Cancer 79 [8], Seite 1541-7.

Longhi, A.; Pasini, A.; Cicognani, A.; Baronio, F.; Pellacani, A.; Baldini, N. und Bacci, G. (2005): Height as a risk factor for osteosarcoma, J Pediatr Hematol Oncol 27 [6], Seite 314-8.

Lundin, J.; Hagberg, H.; Repp, R.; Cavallin-Stahl, E.; Freden, S.; Juliusson, G.; Rosenblad, E.; Tjonnfjord, G.; Wiklund, T. und Osterborg, A. (2003): Phase 2 study of alemtuzumab (anti-CD52 monoclonal antibody) in patients with advanced mycosis fungoides/Sezary syndrome, *Blood* 101 [11], Seite 4267-72.

Lundin, J.; Kimby, E.; Bjorkholm, M.; Broliden, P. A.; Celsing, F.; Hjalmar, V.; Mollgard, L.; Rebello, P.; Hale, G.; Waldmann, H.; Mellstedt, H. und Osterborg, A. (2002): Phase II trial of subcutaneous anti-CD52 monoclonal antibody alemtuzumab (Campath-1H) as first-line treatment for patients with B-cell chronic lymphocytic leukemia (B-CLL), *Blood* 100 [3], Seite 768-73.

Lundin, J.; Osterborg, A.; Brittinger, G.; Crowther, D.; Dombret, H.; Engert, A.; Epenetos, A.; Gisselbrecht, C.; Huhn, D.; Jaeger, U.; Thomas, J.; Marcus, R.; Nissen, N.; Poynton, C.; Rankin, E.; Stahel, R.; Uppenkamp, M.; Willemze, R. und Mellstedt, H. (1998): CAMPATH-1H monoclonal antibody in therapy for previously treated low-grade non-Hodgkin's lymphomas: a phase II multicenter study. European Study Group of CAMPATH-1H Treatment in Low-Grade Non-Hodgkin's Lymphoma, *J Clin Oncol* 16 [10], Seite 3257-63.

MacEwen, E. G.; Pastor, J.; Kutzke, J.; Tsan, R.; Kurzman, I. D.; Thamm, D. H.; Wilson, M. und Radinsky, R. (2004): IGF-1 receptor contributes to the malignant phenotype in human and canine osteosarcoma, *J Cell Biochem* 92 [1], Seite 77-91.

Macrae, M.; Neve, R. M.; Rodriguez-Viciana, P.; Haqq, C.; Yeh, J.; Chen, C.; Gray, J. W. und McCormick, F. (2005): A conditional feedback loop regulates Ras activity through EphA2, *Cancer Cell* 8 [2], Seite 111-8.

Magliocca, J. F. und Knechtle, S. J. (2006): The evolving role of alemtuzumab (Campath-1H) for immunosuppressive therapy in organ transplantation, *Transpl Int* 19 [9], Seite 705-14.

Marsh, J. C. und Gordon-Smith, E. C. (2001): CAMPATH-1H in the treatment of autoimmune cytopenias, *Cytotherapy* 3 [3], Seite 189-95.

Masui, F (1998): Giant cell tumor of bone: a clinicopathologic study of prognostic factors, *Pathol Int* 48 [723-729].

- Mavromatis, B. und Cheson, B. D. (2003): Monoclonal antibody therapy of chronic lymphocytic leukemia, *J Clin Oncol* 21 [9], Seite 1874-81.
- McCune, S. L.; Gockerman, J. P.; Moore, J. O.; Decastro, C. M.; Bass, A. J.; Chao, N. J.; Long, G. D.; Vredenburgh, J. J.; Gasparetto, C.; Adams, D.; Payne, N. und Rizzieri, D. A. (2002): Alemtuzumab in relapsed or refractory chronic lymphocytic leukemia and prolymphocytic leukemia, *Leuk Lymphoma* 43 [5], Seite 1007-11.
- McLennan, R. und Krull, C. E. (2002): Ephrin-as cooperate with EphA4 to promote trunk neural crest migration, *Gene Expr* 10 [5-6], Seite 295-305.
- Mendenhall, W. M.; Zlotecki, R. A.; Scarborough, M. T.; Gibbs, C. P. und Mendenhall, N. P. (2006): Giant cell tumor of bone, *Am J Clin Oncol* 29 [1], Seite 96-9.
- Mendoza, S.; David, H.; Gaylord, G. M. und Miller, C. W. (2005): Allelic loss at 10q26 in osteosarcoma in the region of the BUB3 and FGFR2 genes, *Cancer Genet Cytogenet* 158 [2], Seite 142-7.
- Miller, C. W.; Aslo, A.; Won, A.; Tan, M.; Lampkin, B. und Koeffler, H. P. (1996): Alterations of the p53, Rb and MDM2 genes in osteosarcoma, *J Cancer Res Clin Oncol* 122 [9], Seite 559-65.
- Mohammad, K. S. und Guise, T. A. (2003): Mechanisms of osteoblastic metastases: role of endothelin-1, *Clin Orthop Relat Res* [415 Suppl], Seite S67-74.
- Momand, J.; Zambetti, G. P.; Olson, D. C.; George, D. und Levine, A. J. (1992): The mdm-2 oncogene product forms a complex with the p53 protein and inhibits p53-mediated transactivation, *Cell* 69 [7], Seite 1237-45.
- Mone, A.; Puhalla, S.; Whitman, S.; Baiocchi, R. A.; Cruz, J.; Vukosavljevic, T.; Banks, A.; Eisenbeis, C. F.; Byrd, J. C.; Caligiuri, M. A. und Porcu, P. (2005): Durable hematologic complete response and suppression of HTLV-1 viral load following alemtuzumab in zidovudine/IFN- α -refractory adult T-cell leukemia, *Blood* 106 [10], Seite 3380-2.
- Nakamoto, M. und Bergemann, A. D. (2002): Diverse roles for the Eph family of receptor tyrosine kinases in carcinogenesis, *Microsc Res Tech* 59 [1], Seite 58-67.

Nakamura, R.; Kataoka, H.; Sato, N.; Kanamori, M.; Ihara, M.; Igarashi, H.; Ravshanov, S.; Wang, Y. J.; Li, Z. Y.; Shimamura, T.; Kobayashi, T.; Konno, H.; Shinmura, K.; Tanaka, M. und Sugimura, H. (2005): EPHA2/EFNA1 expression in human gastric cancer, *Cancer Sci* 96 [1], Seite 42-7.

Nielsen, G. P.; Burns, K. L.; Rosenberg, A. E. und Louis, D. N. (1998): CDKN2A gene deletions and loss of p16 expression occur in osteosarcomas that lack RB alterations, *Am J Pathol* 153 [1], Seite 159-63.

Nobes, C. D. und Hall, A. (1995): Rho, rac, and cdc42 GTPases regulate the assembly of multimolecular focal complexes associated with actin stress fibers, lamellipodia, and filopodia, *Cell* 81 [1], Seite 53-62.

Noble-Topham, S. E.; Burrow, S. R.; Eppert, K.; Kandel, R. A.; Meltzer, P. S.; Bell, R. S. und Andrulis, I. L. (1996): SAS is amplified predominantly in surface osteosarcoma, *J Orthop Res* 14 [5], Seite 700-5.

Noblitt, L. W.; Bangari, D. S.; Shukla, S.; Knapp, D. W.; Mohammed, S.; Kinch, M. S. und Mittal, S. K. (2004): Decreased tumorigenic potential of EphA2-overexpressing breast cancer cells following treatment with adenoviral vectors that express EphrinA1, *Cancer Gene Ther* 11 [11], Seite 757-66.

Nuckel, H.; Frey, U. H.; Roth, A.; Duhren, U. und Siffert, W. (2005): Alemtuzumab induces enhanced apoptosis in vitro in B-cells from patients with chronic lymphocytic leukemia by antibody-dependent cellular cytotoxicity, *Eur J Pharmacol* 514 [2-3], Seite 217-24.

Ogawa, K.; Pasqualini, R.; Lindberg, R. A.; Kain, R.; Freeman, A. L. und Pasquale, E. B. (2000): The ephrin-A1 ligand and its receptor, EphA2, are expressed during tumor neovascularization, *Oncogene* 19 [52], Seite 6043-52.

Oike, Y.; Ito, Y.; Hamada, K.; Zhang, X. Q.; Miyata, K.; Arai, F.; Inada, T.; Araki, K.; Nakagata, N.; Takeya, M.; Kisanuki, Y. Y.; Yanagisawa, M.; Gale, N. W. und Suda, T. (2002): Regulation of vasculogenesis and angiogenesis by EphB/ephrin-B2 signaling between endothelial cells and surrounding mesenchymal cells, *Blood* 100 [4], Seite 1326-33.

Oliner, J. D.; Kinzler, K. W.; Meltzer, P. S.; George, D. L. und Vogelstein, B. (1992): Amplification of a gene encoding a p53-associated protein in human sarcomas, *Nature* 358 [6381], Seite 80-3.

Onda, M.; Matsuda, S.; Higaki, S.; Iijima, T.; Fukushima, J.; Yokokura, A.; Kojima, T.; Horiuchi, H.; Kurokawa, T. und Yamamoto, T. (1996): ErbB-2 expression is correlated with poor prognosis for patients with osteosarcoma, *Cancer* 77 [1], Seite 71-8.

Orioli, D. und Klein, R. (1997): The Eph receptor family: axonal guidance by contact repulsion, *Trends Genet* 13 [9], Seite 354-9.

Osterborg, A.; Dyer, M. J.; Bunjes, D.; Pangalis, G. A.; Bastion, Y.; Catovsky, D. und Mellstedt, H. (1997): Phase II multicenter study of human CD52 antibody in previously treated chronic lymphocytic leukemia. European Study Group of CAMPATH-1H Treatment in Chronic Lymphocytic Leukemia, *J Clin Oncol* 15 [4], Seite 1567-74.

Osterborg, A.; Fassas, A. S.; Anagnostopoulos, A.; Dyer, M. J.; Catovsky, D. und Mellstedt, H. (1996): Humanized CD52 monoclonal antibody Campath-1H as first-line treatment in chronic lymphocytic leukaemia, *Br J Haematol* 93 [1], Seite 151-3.

Pandey, A.; Lazar, D. F.; Saltiel, A. R. und Dixit, V. M. (1994): Activation of the Eck receptor protein tyrosine kinase stimulates phosphatidylinositol 3-kinase activity, *J Biol Chem* 269 [48], Seite 30154-7.

Pandey, A.; Shao, H.; Marks, R.M.; Polverini, P.J. und Dixit, V.M. (1995): Role of B61, the ligand for the Eck receptor tyrosine kinase, in TNF-alpha-induced angiogenesis, *Science* 268, Seite 567-569.

Papachristou, D. J.; Batistatou, A.; Sykiotis, G. P.; Varakis, I. und Papavassiliou, A. G. (2003): Activation of the JNK-AP-1 signal transduction pathway is associated with pathogenesis and progression of human osteosarcomas, *Bone* 32 [4], Seite 364-71.

Park, H. R.; Jung, W. W.; Bertoni, F.; Bacchini, P.; Park, J. H.; Kim, Y. W. und Park, Y. K. (2004): Molecular analysis of p53, MDM2 and H-ras genes in low-grade central osteosarcoma, *Pathol Res Pract* 200 [6], Seite 439-45.

Pasquale, E. B. (1997): The Eph family of receptors, *Curr Opin Cell Biol* 9 [5], Seite 608-15.

Pasquale, E. B. (2005): Eph receptor signalling casts a wide net on cell behaviour, *Nat Rev Mol Cell Biol* 6 [6], Seite 462-75.

Patino, A.; Sotillo, E.; Lopez De Mesa, R. und Sierrasesumaga, L. (2000): [Analysis of the involvement of the tumour suppressor genes TP53, p16INK4, p21WAF1, RB1 and the drugs metabolizing enzymes in the development of bone tumours in children], *An Sist Sanit Navar* 23 [1], Seite 25-34.

Pawson, R.; Dyer, M. J.; Barge, R.; Matutes, E.; Thornton, P. D.; Emmett, E.; Kluin-Nelemans, J. C.; Fibbe, W. E.; Willemze, R. und Catovsky, D. (1997): Treatment of T-cell prolymphocytic leukemia with human CD52 antibody, *J Clin Oncol* 15 [7], Seite 2667-72.

Potla, L.; Boghaert, E. R.; Armellino, D.; Frost, P. und Damle, N. K. (2002): Reduced expression of EphrinA1 (EFNA1) inhibits three-dimensional growth of HT29 colon carcinoma cells, *Cancer Lett* 175 [2], Seite 187-95.

Pratt, R. L. und Kinch, M. S. (2002): Activation of the EphA2 tyrosine kinase stimulates the MAP/ERK kinase signaling cascade, *Oncogene* 21 [50], Seite 7690-9.

Prevost, N.; Woulfe, D.; Tanaka, T. und Brass, L. F. (2002): Interactions between Eph kinases and ephrins provide a mechanism to support platelet aggregation once cell-to-cell contact has occurred, *Proc Natl Acad Sci U S A* 99 [14], Seite 9219-24.

Quigley, M. M.; Bethel, K. J.; Sharpe, R. W. und Saven, A. (2003): CD52 expression in hairy cell leukemia, *Am J Hematol* 74 [4], Seite 227-30.

Ragazzini, P.; Gamberi, G.; Benassi, M. S.; Orlando, C.; Sestini, R.; Ferrari, C.; Molendini, L.; Sollazzo, M. R.; Merli, M.; Magagnoli, G.; Bertoni, F.; Bohling, T.; Pazzagli, M. und Picci, P. (1999): Analysis of SAS gene and CDK4 and MDM2 proteins in low-grade osteosarcoma, *Cancer Detect Prev* 23 [2], Seite 129-36.

Ravandi, F. und Faderl, S. (2006): Complete response in a patient with adult T-cell leukemia (ATL) treated with combination of alemtuzumab and pentostatin, *Leuk Res* 30 [1], Seite 103-5.

Raymond, A. K.; Chawla, S. P.; Carrasco, C. H.; Ayala, A. G.; Fanning, C. V.; Grice, B.; Armen, T.; Plager, C.; Papadopoulos, N. E.; Edeiken, J. und et al. (1987): Osteosarcoma chemotherapy effect: a prognostic factor, *Semin Diagn Pathol* 4 [3], Seite 212-36.

Richier, P.; Arpagaus, M. und Toutant, J. P. (1992): Glycolipid-anchored acetylcholinesterases from rabbit lymphocytes and erythrocytes differ in their sensitivity to phosphatidylinositol-specific phospholipase C, *Biochim Biophys Acta* 1112 [1], Seite 83-8.

Riechmann, L.; Clark, M.; Waldmann, H. und Winter, G. (1988): Reshaping human antibodies for therapy, *Nature* 332 [6162], Seite 323-7.

Rock, MG (1990): Curettage of giant cell tumor of bone. Factors influencing local recurrences and metastasis, *Chir Organi Mov* 75, Seite 43-46.

Rosenberg, I. M.; Goke, M.; Kanai, M.; Reinecker, H. C. und Podolsky, D. K. (1997): Epithelial cell kinase-B61: an autocrine loop modulating intestinal epithelial migration and barrier function, *Am J Physiol* 273 [4 Pt 1], Seite G824-32.

Rosenblum, M. D.; LaBelle, J. L.; Chang, C. C.; Margolis, D. A.; Schauer, D. W. und Vesole, D. H. (2004): Efficacy of alemtuzumab treatment for refractory T-cell large granular lymphocytic leukemia, *Blood* 103 [5], Seite 1969-71.

Rowan, W.; Tite, J.; Topley, P. und Brett, S. J. (1998): Cross-linking of the CAMPATH-1 antigen (CD52) mediates growth inhibition in human B- and T-lymphoma cell lines, and subsequent emergence of CD52-deficient cells, *Immunology* 95 [3], Seite 427-36.

Ruoslahti, E. (1999): Fibronectin and its integrin receptors in cancer, *Adv Cancer Res* 76, Seite 1-20.

Ruther, U.; Garber, C.; Komitowski, D.; Muller, R. und Wagner, E. F. (1987): Deregulated c-fos expression interferes with normal bone development in transgenic mice, *Nature* 325 [6103], Seite 412-6.

Salzer-Kuntschik, M (1998): Differential diagnosis of giant cell tumor of bone, *Verh Dtsch Ges Pathol* 82, Seite 154-159.

- Sanerkin, N. G. (1980): Definitions of osteosarcoma, chondrosarcoma, and fibrosarcoma of bone, *Cancer* 46 [1], Seite 178-85.
- Schroter, S.; Derr, P.; Conradt, H. S.; Nimtz, M.; Hale, G. und Kirchhoff, C. (1999): Male-specific modification of human CD52, *J Biol Chem* 274 [42], Seite 29862-73.
- Sefcick, A.; Sowter, D.; DasGupta, E.; Russell, N. H. und Byrne, J. L. (2004): Alemtuzumab therapy for refractory idiopathic hypereosinophilic syndrome, *Br J Haematol* 124 [4], Seite 558-9.
- Sharfe, N.; Freywald, A.; Toro, A.; Dadi, H. und Roifman, C. (2002): Ephrin stimulation modulates T cell chemotaxis, *Eur J Immunol* 32 [12], Seite 3745-55.
- Sherr, C. J. (1996): Cancer cell cycles, *Science* 274 [5293], Seite 1672-7.
- Smith, F. M.; Vearing, C.; Lackmann, M.; Treutlein, H.; Himanen, J.; Chen, K.; Saul, A.; Nikolov, D. und Boyd, A. W. (2004): Dissecting the EphA3/Ephrin-A5 interactions using a novel functional mutagenesis screen, *J Biol Chem* 279 [10], Seite 9522-31.
- Streitbuerger, A.; Harges, J.; Gebert, C.; Ahrens, H.; Winkelmann, W. und Gosheger, G. (2006): [Cartilage tumours of the bone. Diagnosis and therapy], *Orthopade* 35 [8], Seite 871-81; quiz 882.
- Surawska, H.; Ma, P. C. und Salgia, R. (2004): The role of ephrins and Eph receptors in cancer, *Cytokine Growth Factor Rev* 15 [6], Seite 419-33.
- Tarkkanen, M.; Karhu, R.; Kallioniemi, A.; Elomaa, I.; Kivioja, A. H.; Nevalainen, J.; Bohling, T.; Karaharju, E.; Hyytinen, E.; Knuutila, S. und et al. (1995): Gains and losses of DNA sequences in osteosarcomas by comparative genomic hybridization, *Cancer Res* 55 [6], Seite 1334-8.
- Toutant, J. P.; Richards, M. K.; Krall, J. A. und Rosenberry, T. L. (1990): Molecular forms of acetylcholinesterase in two sublines of human erythroleukemia K562 cells. Sensitivity or resistance to phosphatidylinositol-specific phospholipase C and biosynthesis, *Eur J Biochem* 187 [1], Seite 31-8.

Treumann, A.; Lifely, MR.; Schneider, P. und Ferguson, MA. (1995): Primary structure of CD52., J Biol Chem. 270 [11], Seite 6088-6099.

Tsuchiya, T.; Sekine, K.; Hinohara, S.; Namiki, T.; Nobori, T. und Kaneko, Y. (2000): Analysis of the p16INK4, p14ARF, p15, TP53, and MDM2 genes and their prognostic implications in osteosarcoma and Ewing sarcoma, Cancer Genet Cytogenet 120 [2], Seite 91-8.

Tzakis, A. G.; Kato, T.; Nishida, S.; Levi, D. M.; Tryphonopoulos, P.; Madariaga, J. R.; De Faria, W.; Nery, J. R.; Regev, A.; Vianna, R.; Miller, J.; Esquenazi, V.; Weppler, D. und Ruiz, P. (2003): Alemtuzumab (Campath-1H) combined with tacrolimus in intestinal and multivisceral transplantation, Transplantation 75 [9], Seite 1512-7.

Ueda, Y.; Dockhorn-Dworniczak, B.; Blasius, S.; Mellin, W.; Wuisman, P.; Bocker, W. und Roessner, A. (1993): Analysis of mutant P53 protein in osteosarcomas and other malignant and benign lesions of bone, J Cancer Res Clin Oncol 119 [3], Seite 172-8.

Unni, KK (1996): Dahlin`s Bone Tumors General Aspects and Data on 11,087 Cases. 5th ed. Lippincott-Raven: Philadelphia.

van der Veen, A. H.; de Wilt, J. H.; Eggermont, A. M.; van Tiel, S. T.; Seynhaeve, A. L. und ten Hagen, T. L. (2000): TNF-alpha augments intratumoural concentrations of doxorubicin in TNF-alpha-based isolated limb perfusion in rat sarcoma models and enhances anti-tumour effects, Br J Cancer 82 [4], Seite 973-80.

Vogelstein, B. und Kinzler, K. W. (1992): p53 function and dysfunction, Cell 70 [4], Seite 523-6.

Waldmann, H.; Polliak, A.; Hale, G.; Or, R.; Cividalli, G.; Weiss, L.; Weshler, Z.; Samuel, S.; Manor, D.; Brautbar, C. und et al. (1984): Elimination of graft-versus-host disease by in-vitro depletion of alloreactive lymphocytes with a monoclonal rat anti-human lymphocyte antibody (CAMPATH-1), Lancet 2 [8401], Seite 483-6.

Walker-Daniels, J.; Coffman, K.; Azimi, M.; Rhim, J. S.; Bostwick, D. G.; Snyder, P.; Kerns, B. J.; Waters, D. J. und Kinch, M. S. (1999): Overexpression of the EphA2 tyrosine kinase in prostate cancer, Prostate 41 [4], Seite 275-80.

- Walker-Daniels, J.; Riese, D. J., 2nd und Kinch, M. S. (2002): c-Cbl-dependent EphA2 protein degradation is induced by ligand binding, *Mol Cancer Res* 1 [1], Seite 79-87.
- Watts, R. A.; Isaacs, J. D.; Hale, G.; Hazleman, B. L. und Waldmann, H. (1993): CAMPATH-1H in inflammatory arthritis, *Clin Exp Rheumatol* 11 Suppl 8, Seite S165-7.
- Weinberg, R. A. (1995): The retinoblastoma protein and cell cycle control, *Cell* 81 [3], Seite 323-30.
- Wilkie, A. O. (1997): Craniosynostosis: genes and mechanisms, *Hum Mol Genet* 6 [10], Seite 1647-56.
- Wilkinson, D. G. (2000): Eph receptors and ephrins: regulators of guidance and assembly, *Int Rev Cytol* 196, Seite 177-244.
- Wilkinson, D. G. (2001): Multiple roles of EPH receptors and ephrins in neural development, *Nat Rev Neurosci* 2 [3], Seite 155-64.
- Windle, J. J.; Albert, D. M.; O'Brien, J. M.; Marcus, D. M.; Disteche, C. M.; Bernardis, R. und Mellon, P. L. (1990): Retinoblastoma in transgenic mice, *Nature* 343 [6259], Seite 665-9.
- Wing, M. G.; Waldmann, H.; Isaacs, J.; Compston, D. A. und Hale, G. (1995): Ex-vivo whole blood cultures for predicting cytokine-release syndrome: dependence on target antigen and antibody isotype, *Ther Immunol* 2 [4], Seite 183-90.
- Wong, Y. W. und Low, M. G. (1994): Biosynthesis of glycosylphosphatidylinositol-anchored human placental alkaline phosphatase: evidence for a phospholipase C-sensitive precursor and its post-attachment conversion into a phospholipase C-resistant form, *Biochem J* 301 (Pt 1), Seite 205-9.
- Wu, J. X.; Carpenter, P. M.; Gresens, C.; Keh, R.; Niman, H.; Morris, J. W. und Mercola, D. (1990): The proto-oncogene c-fos is over-expressed in the majority of human osteosarcomas, *Oncogene* 5 [7], Seite 989-1000.
- Wuelling, M.; Delling, G. und Kaiser, E. (2004): Differential gene expression in stromal cells of human giant cell tumor of bone, *Virchows Arch*.

Xia, M. Q.; Hale, G.; Lifely, M. R.; Ferguson, M. A.; Campbell, D.; Packman, L. und Waldmann, H. (1993): Structure of the CAMPATH-1 antigen, a glycosylphosphatidylinositol-anchored glycoprotein which is an exceptionally good target for complement lysis, *Biochem J* 293 (Pt 3), Seite 633-40.

Xia, M. Q.; Hale, G. und Waldmann, H. (1993): Efficient complement-mediated lysis of cells containing the CAMPATH-1 (CDw52) antigen, *Mol Immunol* 30 [12], Seite 1089-96.

Xia, M. Q.; Tone, M.; Packman, L.; Hale, G. und Waldmann, H. (1991): Characterization of the CAMPATH-1 (CDw52) antigen: biochemical analysis and cDNA cloning reveal an unusually small peptide backbone, *Eur J Immunol* 21 [7], Seite 1677-84.

Yeung, C. H.; Schroter, S.; Wagenfeld, A.; Kirchhoff, C.; Kliesch, S.; Poser, D.; Weinbauer, G. F.; Nieschlag, E. und Cooper, T. G. (1997): Interaction of the human epididymal protein CD52 (HE5) with epididymal spermatozoa from men and cynomolgus monkeys, *Mol Reprod Dev* 48 [2], Seite 267-75.

Yokoyama, R.; Schneider-Stock, R.; Radig, K.; Wex, T. und Roessner, A. (1998): Clinicopathologic implications of MDM2, p53 and K-ras gene alterations in osteosarcomas: MDM2 amplification and p53 mutations found in progressive tumors, *Pathol Res Pract* 194 [9], Seite 615-21.

Zantek, N. D.; Azimi, M.; Fedor-Chaiken, M.; Wang, B.; Brackenbury, R. und Kinch, M. S. (1999): E-cadherin regulates the function of the EphA2 receptor tyrosine kinase, *Cell Growth Differ* 10 [9], Seite 629-38.

Zelinski, D. P.; Zantek, N. D.; Stewart, J. C.; Irizarry, A. R. und Kinch, M. S. (2001): EphA2 overexpression causes tumorigenesis of mammary epithelial cells, *Cancer Res* 61 [5], Seite 2301-6.

Anhang

Tabelle 51: Genliste Muster 1 (n=1.163; 4.1.3.1).

ID	cf	Gen
207370_at	41,7	Integrin-binding sialoprotein (bone sialoprotein, bone sialoprotein II)
201721_s_at	29,8	Lysosomal-associated multispanning membrane protein-5
218678_at	28,7	Hypothetical protein FLJ21841
217028_at	25,7	Homo sapiens CXCR4 gene encoding receptor CXCR4.
201720_s_at	23,4	tf80g10.x1 NCI_CGAP_Brn23 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2105634 3' similar to TR:Q13240 Q13240 RETINOIC ACID-INDUCIBLE E3 PROTEIN. [2] TR:Q14698 ;, mRNA sequence.
204712_at	22,2	Wnt inhibitory factor-1
203305_at	20,6	Coagulation factor XIII, A1 polypeptide
213068_at	19,6	qb92h06.x1 Soares_fetal_heart_NbHH19W Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1707611 3' similar to SW:DERM_HUMAN Q07507 DERMATOPONTIN PRECURSOR. ;, mRNA sequence.
215049_x_at	19,0	CD163 antigen
201117_s_at	18,6	Carboxypeptidase E
204379_s_at	17,8	Fibroblast growth factor receptor 3 (achondroplasia, thanatophoric dwarfism)
201116_s_at	17,5	wo14h05.x1 NCI_CGAP_Pan1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2455353 3' similar to gb:X51405_cds1 CARBOXYPEPTIDASE H PRECURSOR (HUMAN);, mRNA sequence.
202878_s_at	15,9	Complement component 1, q subcomponent, receptor 1
207977_s_at	15,8	Dermatopontin
215783_s_at	14,5	Alkaline phosphatase, liver/bone/kidney
217897_at	14,5	FXYD domain-containing ion transport regulator 6
206488_s_at	13,7	CD36 antigen (collagen type I receptor, thrombospondin receptor)
203645_s_at	13,6	CD163 antigen
221558_s_at	13,5	Lymphoid enhancer-binding factor 1
218002_s_at	13,4	Small inducible cytokine subfamily B (Cys-X-Cys), member 14 (BRAC)
202023_at	13,0	Ephrin-A1
209087_x_at	12,2	Melanoma cell adhesion molecule
219478_at	12,1	WAP four-disulfide core domain 1
266_s_at	12,0	Homo sapiens CD24 signal transducer mRNA, complete cds and 3' region.
202746_at	11,4	EST
208146_s_at	11,1	Carboxypeptidase, vitellogenic-like
219607_s_at	11,0	Membrane-spanning 4-domains, subfamily A, member 4A
211343_s_at	10,7	Collagen, type XIII, alpha 1
202747_s_at	10,6	Integral membrane protein 2A
214574_x_at	10,2	Lymphocyte antigen 117
209301_at	10,1	Carbonic anhydrase II
204894_s_at	9,9	Amine oxidase, copper containing 3 (vascular adhesion protein 1)
204006_s_at	9,8	Fc fragment of IgG, low affinity IIIb, receptor for (CD16)
203416_at	9,7	CD53 antigen
202917_s_at	9,7	S100 calcium-binding protein A8 (calgranulin A)
209170_s_at	9,7	Glycoprotein M6B
204959_at	9,6	Myeloid cell nuclear differentiation antigen
210869_s_at	9,6	Melanoma cell adhesion molecule
204638_at	9,5	Acid phosphatase 5, tartrate resistant
214043_at	9,5	7k76c03.x1 NCI_CGAP_GC6 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3481325 3', mRNA sequence.
219666_at	9,3	Membrane-spanning 4-domains, subfamily A, member 6A
204419_x_at	9,2	Hemoglobin, gamma G
212588_at	9,2	we96c09.x1 Soares_NFL_T_GBC_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2348944 3' similar to gb:Y00638 LEUKOCYTE COMMON ANTIGEN PRECURSOR (HUMAN);, mRNA sequence.
203535_at	8,7	S100 calcium-binding protein A9 (calgranulin B)
209771_x_at	8,6	nz09g03.s1 NCI_CGAP_GCB1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1287316 3' similar to gb:M57627 INTERLEUKIN-10 PRECURSOR (HUMAN);, mRNA sequence.
213515_x_at	8,3	HA1957 Human fetal liver cDNA library Homo sapiens cDNA, mRNA sequence.
205941_s_at	8,2	tc30d11.x1 Soares_total_fetus_Nb2HF8_9w Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2066133 3' similar to SW:CA1A_HUMAN Q03692 COLLAGEN ALPHA 1(X) CHAIN PRECURSOR. ;, mRNA sequence.
219747_at	8,2	Hypothetical protein FLJ23191
208885_at	8,1	Lymphocyte cytosolic protein 1 (L-plastin)
201743_at	8,0	CD14 antigen
218856_at	8,0	Hypothetical protein
210895_s_at	8,0	CD86 antigen (CD28 antigen ligand 2, B7-2 antigen)
210629_x_at	8,0	Lymphocyte antigen 117
214511_x_at	8,0	Fc fragment of IgG, high affinity Ia, receptor for (CD64)
204787_at	7,9	Ig superfamily protein
220088_at	7,6	Complement component 5 receptor 1 (C5a ligand)
219032_x_at	7,6	Opsin 3 (encephalopsin, panopsin)
217362_x_at	7,6	Consensus includes gb:AF005487.1 /DEF=Homo sapiens MHC class II antigen (DRB6) mRNA, HLA-DRB6*0201 allele,

ID	cf	Gen
		sequence. /FEA=mRNA /DB_XREF=gi:5915893 /UG=Hs.167385 Homo sapiens MHC class II antigen HLA-DRB6 mRNA, partial cds
209070_s_at	7,5	qd69h09.x1 Soares_testis_NHT Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1734785 3' similar to TR:O15539 O15539 RGS5. ;, mRNA sequence.
201690_s_at	7,4	601680437F1 NIH_MGC_83 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3950697 5', mRNA sequence.
207238_s_at	7,4	Protein tyrosine phosphatase, receptor type, C
202345_s_at	7,4	Fatty acid binding protein 5 (psoriasis-associated)
213566_at	7,4	Ribonuclease, RNase A family, k6
204681_s_at	7,3	Guanine nucleotide exchange factor for Rap1; M-Ras-regulated GEF
208228_s_at	7,3	Fibroblast growth factor receptor 2 (bacteria-expressed kinase, keratinocyte growth factor receptor, craniofacial dysostosis 1, Crouzon syndrome, Pfeiffer syndrome, Jackson-Weiss syndrome)
209583_s_at	7,3	Antigen identified by monoclonal antibody MRC OX-2
203104_at	7,3	Colony stimulating factor 1 receptor, formerly McDonough feline sarcoma viral (v-fms) oncogene homolog
213620_s_at	7,2	zk95d07.s1 Soares_pregnant_uterus_NbHPU Homo sapiens cDNA clone IMAGE:490573 3' similar to gb:X15606 INTERCELLULAR ADHESION MOLECULE-2 PRECURSOR (HUMAN);, mRNA sequence.
214612_x_at	7,2	Human MAGE-6 antigen (MAGE6) gene, complete cds.
205098_at	7,2	tf24a02.x1 NCI_CGAP_Brn23 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2097098 3' similar to gb:D10925 C-C CHEMOKINE RECEPTOR TYPE 1 (HUMAN);, mRNA sequence.
204150_at	7,2	KIAA0246 protein
204232_at	7,2	Fc fragment of IgE, high affinity I, receptor for; gamma polypeptide
203932_at	7,1	Major histocompatibility complex, class II, DM beta
208650_s_at	6,7	602426876F1 NIH_MGC_14 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4564675 5', mRNA sequence.
203143_s_at	6,7	yd85c11.s1 Soares_fetal_liver_spleen_1NFL5 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:115028 3', mRNA sequence.
204057_at	6,7	oy66c05.x1 NCI_CGAP_CLL1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1670792 3', mRNA sequence.
204533_at	6,7	Small inducible cytokine subfamily B (Cys-X-Cys), member 10
215633_x_at	6,7	AV173720 DCB Homo sapiens cDNA clone DCBJA12 5', mRNA sequence.
218404_at	6,6	Sorting nexin 10
203934_at	6,6	Kinase insert domain receptor (a type III receptor tyrosine kinase)
216379_x_at	6,6	KIAA1919 protein
204513_s_at	6,5	Engulfment and cell motility 1 (ced-12 homolog, C. elegans)
210972_x_at	6,5	T cell receptor alpha locus
205114_s_at	6,5	Small inducible cytokine A3 (homologous to mouse Mip-1a)
219725_at	6,5	Triggering receptor expressed on myeloid cells 2
203817_at	6,3	zd96a11.s1 Soares_fetal_heart_NbHH19W Homo sapiens cDNA clone IMAGE:357308 3', mRNA sequence.
218816_at	6,2	LAP (leucine-rich repeats and PDZ) and no PDZ protein
213418_at	6,2	Heat shock 70kD protein 6 (HSP70B')
213479_at	6,1	Neuronal pentraxin II
203290_at	6,1	Major histocompatibility complex, class II, DQ alpha 1
209167_at	6,1	Glycoprotein M6B
209596_at	6,0	DKFZP564I1922 protein
204040_at	6,0	KIAA0161 gene product
203761_at	6,0	Src-like-adaptor
213988_s_at	5,9	601651561F1 NIH_MGC_81 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3934935 5', mRNA sequence.
203923_s_at	5,9	Cytochrome b-245, beta polypeptide (chronic granulomatous disease)
205911_at	5,9	Parathyroid hormone receptor 1
204844_at	5,8	Glutamyl aminopeptidase (aminopeptidase A)
202625_at	5,8	qz26h02.x1 NCI_CGAP_CLL1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2028051 3', mRNA sequence.
211919_s_at	5,8	Chemokine (C-X-C motif), receptor 4 (fusin)
209541_at	5,8	Insulin-like growth factor 1 (somatomedin C)
221491_x_at	5,7	oc35c12.s1 NCI_CGAP_GCB1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1351702 3', mRNA sequence.
214770_at	5,7	qn33g02.x1 NCI_CGAP_Kid5 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1900082 3', mRNA sequence.
216733_s_at	5,7	Glycine amidinotransferase (L-arginine:glycine amidinotransferase)
204984_at	5,6	Glypican 4
220330_s_at	5,5	SAM domain, SH3 domain and nuclear localisation signals, 1
205453_at	5,5	Homeo box B2
219358_s_at	5,5	Centaurin, alpha 2
203148_s_at	5,5	Tripartite motif-containing 14
212482_at	5,5	Hypothetical protein FLJ13910
209772_s_at	5,5	CD24 antigen (small cell lung carcinoma cluster 4 antigen)
205656_at	5,4	Protocadherin 17
212624_s_at	5,4	602038795F1 NCI_CGAP_Brn64 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4186582 5', mRNA sequence.
204912_at	5,4	Interleukin 10 receptor, alpha
202877_s_at	5,4	zd70c06.s1 Soares_fetal_heart_NbHH19W Homo sapiens cDNA clone IMAGE:345994 3', mRNA sequence.
202086_at	5,2	Myxovirus (influenza) resistance 1, homolog of murine (interferon-inducible protein p78)
202859_x_at	5,2	Interleukin 8
217480_x_at	5,1	Ig kappa chain; Human kappa-immunoglobulin germline pseudogene (cos118) variable region (subgroup V kappa I).
210889_s_at	5,1	Fc fragment of IgG, low affinity IIb, receptor for (CD32)
209734_at	5,0	Hematopoietic protein 1
214453_s_at	5,0	Interferon-induced, hepatitis C-associated microtubular aggregate protein (44kD)
219884_at	5,0	LIM homeobox protein 6
214093_s_at	5,0	z120f08.s1 Soares_pregnant_uterus_NbHPU Homo sapiens cDNA clone IMAGE:502503 3', mRNA sequence.
209535_s_at	5,0	lymphoid blast crisis oncogene
213056_at	5,0	AU145019 HEMBA1 Homo sapiens cDNA clone HEMBA1003646 3', mRNA sequence.
218736_s_at	4,9	Palmdelphin
208651_x_at	4,9	CD24 antigen (small cell lung carcinoma cluster 4 antigen)
213385_at	4,9	Chimerin (chimaerin) 2

ID	cf	Gen
219304_s_at	4,9	Spinal cord-derived growth factor-B
205786_s_at	4,8	Integrin, alpha M (complement component receptor 3, alpha; also known as CD11b (p170), macrophage antigen alpha polypeptide)
202957_at	4,8	Hematopoietic cell-specific Lyn substrate 1
202901_x_at	4,8	Cathepsin S
203474_at	4,8	IQ motif containing GTPase activating protein 2
205445_at	4,8	Prolactin
222033_s_at	4,7	zf66f10.s1 Soares retina N2b4HR Homo sapiens cDNA clone IMAGE:381931 3' similar to contains element MER36 repetitive element ;, mRNA sequence.
210467_x_at	4,7	Melanoma antigen, family A, 12
212587_s_at	4,7	we96c09.x1 Soares_NFL_T_GBC_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2348944 3' similar to gb:Y00638 LEUKOCYTE COMMON ANTIGEN PRECURSOR (HUMAN);, mRNA sequence.
204865_at	4,7	Carbonic anhydrase III, muscle specific
204829_s_at	4,6	Folate receptor 2 (fetal)
212153_at	4,6	KIAA0461 protein
204081_at	4,6	Neurogranin (protein kinase C substrate, RC3)
204364_s_at	4,6	601060419F1 NIH_MGC_10 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3446788 5', mRNA sequence.
204007_at	4,6	Fc fragment of IgG, low affinity IIb, receptor for (CD16)
213994_s_at	4,6	wl92a04.x1 NCI_CGAP_Brn25 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2432334 3', mRNA sequence.
219091_s_at	4,5	Hypothetical protein FLJ13465
204848_x_at	4,5	Hemoglobin, gamma A
218319_at	4,4	Pellino (Drosophila) homolog 1
204464_s_at	4,4	Endothelin receptor type A
201688_s_at	4,4	601680437F1 NIH_MGC_83 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3950697 5', mRNA sequence.
219142_at	4,4	Hypothetical protein MGC2827
204439_at	4,4	Hypothetical protein, expressed in osteoblast
204567_s_at	4,4	ATP-binding cassette, sub-family G (WHITE), member 1
203561_at	4,4	Fc fragment of IgG, low affinity IIa, receptor for (CD32)
204897_at	4,3	Prostaglandin E receptor 4 (subtype EP4)
219695_at	4,3	Hypothetical protein FLJ22593
205110_s_at	4,3	Fibroblast growth factor 13
205488_at	4,3	Granzyme A (granzyme 1, cytotoxic T-lymphocyte-associated serine esterase 3)
213797_at	4,3	qx82h04.x1 NCI_CGAP_GC6 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2009047 3', mRNA sequence.
210785_s_at	4,3	Basement membrane-induced gene
214707_x_at	4,2	KIAA0328 protein
208018_s_at	4,2	Hemopoietic cell kinase
221529_s_at	4,2	Plasmalemma vesicle associated protein
204642_at	4,2	Endothelial differentiation, sphingolipid G-protein-coupled receptor, 1
205572_at	4,2	Angiopietin 2
212843_at	4,2	zn86a09.s1 Stratagene lung carcinoma 937218 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:565048 3' similar to gb:M26252 PYRUVATE KINASE, M2 ISOZYME (HUMAN);, mRNA sequence.
201689_s_at	4,2	601680437F1 NIH_MGC_83 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3950697 5', mRNA sequence.
211902_x_at	4,2	T cell receptor alpha locus
221581_s_at	4,2	Williams-Beuren syndrome chromosome region 5
213229_at	4,2	nab19e04.x1 Soares_NSF_F8_9W_OT_PA_P_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3266383 3', mRNA sequence.
204424_s_at	4,2	Neuronal specific transcription factor DAT1
222146_s_at	4,1	Transcription factor 4
213993_at	4,1	wl92a04.x1 NCI_CGAP_Brn25 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2432334 3', mRNA sequence.
210815_s_at	4,1	Calcitonin receptor-like
204463_s_at	4,1	AU118882 HEMBA1 Homo sapiens cDNA clone HEMBA1004569 5', mRNA sequence.
213909_at	4,1	AU147799 MAMMA1 Homo sapiens cDNA clone MAMMA1001744 3', mRNA sequence.
206726_at	4,1	Prostaglandin D2 synthase, hematopoietic
210657_s_at	4,0	Peanut (Drosophila)-like 2
215067_x_at	4,0	AU147942 MAMMA1 Homo sapiens cDNA clone MAMMA1002198 3', mRNA sequence.
213362_at	4,0	za74a07.s1 Soares_fetal_lung_NbHL19W Homo sapiens cDNA clone IMAGE:298260 3', mRNA sequence.
214038_at	4,0	wr88g11.x1 NCI_CGAP_Kid11 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2494820 3' similar to SW:MCP2_HUMAN P80075 MONOCYTE CHEMOTACTIC PROTEIN 2 PRECURSOR ;, mRNA sequence.
202611_s_at	4,0	wr23g11.x1 NCI_CGAP_Pr28 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2488580 3', mRNA sequence.
205304_s_at	4,0	Potassium inwardly-rectifying channel, subfamily J, member 8
203379_at	4,0	Ribosomal protein S6 kinase, 90kD, polypeptide 1
214463_x_at	4,0	H4 histone family, member D
203887_s_at	4,0	Thrombomodulin
213546_at	4,0	Consensus includes gb:AL050378.1 /DEF=Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp586I1420 (from clone DKFZp586I1420); partial cds. /FEA=mRNA /GEN=DKFZp586I1420 /PROD=hypothetical protein /DB_XREF=gi:4914581 /UG=Hs.112423 Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp586I1420
204683_at	3,9	Intercellular adhesion molecule 2
219863_at	3,9	Cyclin-E binding protein 1
203710_at	3,9	Inositol 1,4,5-triphosphate receptor, type 1
205419_at	3,9	Epstein-Barr virus induced gene 2 (lymphocyte-specific G protein-coupled receptor)
209555_s_at	3,9	CD36 antigen (collagen type I receptor, thrombospondin receptor)
221150_at	3,9	Matrix, extracellular phosphoglycoprotein with ASARM motif (bone)
203924_at	3,9	Glutathione S-transferase A2
201427_s_at	3,9	Selenoprotein P, plasma, 1
204924_at	3,8	Toll-like receptor 2
219427_at	3,8	Hypothetical protein FLJ23056
212731_at	3,8	Consensus includes gb:U79297.1 /DEF=Human clone 23589 mRNA sequence. /FEA=mRNA /DB_XREF=gi:1710280

ID	cf	Gen
		/UG=Hs.11506 Human clone 23589 mRNA sequence
219551_at	3,8	Uncharacterized bone marrow protein BM040
203178_at	3,8	Glycine amidinotransferase (L-arginine:glycine amidinotransferase)
212978_at	3,8	KIAA0231 protein
219681_s_at	3,8	Hypothetical protein FLJ22622
202411_at	3,8	Interferon, alpha-inducible protein 27
213106_at	3,8	wj25f11.x1 NCI_CGAP_Kid12 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2403885 3', mRNA sequence.
215306_at	3,7	Consensus includes gb:AL049443.1 /DEF=Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp586N2020 (from clone DKFZp586N2020). /FEA=mRNA /DB_XREF=gi:4500224 /UG=Hs.161283 Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp586N2020 (from clone DKFZp586N2020)
203346_s_at	3,7	Putative DNA binding protein
209081_s_at	3,7	Collagen, type XVIII, alpha 1
202421_at	3,7	Immunoglobulin superfamily, member 3
213592_at	3,7	Angiotensin receptor-like 1
53991_at	3,7	zk89a12.r1 Soares_pregnant_uterus_NbHPU Homo sapiens cDNA clone IMAGE:489982 5' similar to TR:G257387 G257387 HTS1 ;, mRNA sequence.
221019_s_at	3,7	Collectin sub-family member 12
203185_at	3,7	Ras association (RalGDS/AF-6) domain family 2
216950_s_at	3,7	Fc fragment of IgG, high affinity Ia, receptor for (CD64)
219243_at	3,7	Hypothetical protein FLJ11110
212850_s_at	3,7	nn79e08.s1 NCI_CGAP_Co9 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1090118 3', mRNA sequence.
202599_s_at	3,7	Nuclear receptor interacting protein 1
211368_s_at	3,7	Caspase 1, apoptosis-related cysteine protease (interleukin 1, beta, convertase)
219087_at	3,7	Asporin (LRR class 1)
203386_at	3,6	wa95d04.x1 NCI_CGAP_GC6 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2303911 3', mRNA sequence.
218815_s_at	3,6	Hypothetical protein FLJ10199
218804_at	3,6	Hypothetical protein FLJ10261
212693_at	3,6	7e43b11.x1 NCI_CGAP_Lu24 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3285213 3' similar to TR:O15019 O15019 KIAA0301 ;, mRNA sequence.
213241_at	3,6	Consensus includes gb:AF035307.1 /DEF=Homo sapiens clone 23785 mRNA sequence. /FEA=mRNA /DB_XREF=gi:2661068 /UG=Hs.184697 Homo sapiens clone 23785 mRNA sequence
211732_x_at	3,6	gb:BC005907.1 /DEF=Homo sapiens, Similar to histamine N-methyltransferase, clone MGC:14500, mRNA, complete cds. /FEA=mRNA /PROD=Similar to histamine N-methyltransferase /DB_XREF=gi:13543496 /FL=gb:BC005907.1
206245_s_at	3,6	NS1-binding protein
204265_s_at	3,6	Chromosome 6 open reading frame 9
209723_at	3,6	Serine (or cysteine) proteinase inhibitor, clade B (ovalbumin), member 9
219352_at	3,6	Hypothetical protein FLJ20637
208436_s_at	3,6	Interferon regulatory factor 7
214722_at	3,6	xt64d08.x1 NCI_CGAP_Ut2 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2791215 3' similar to contains Alu repetitive element;contains element MER12 repetitive element ;, mRNA sequence.
205442_at	3,5	KIAA0626 gene product
204373_s_at	3,5	KIAA0480 gene product
209906_at	3,5	Complement component 3a receptor 1
219392_x_at	3,5	Hypothetical protein FLJ11029
220147_s_at	3,5	TERA protein
207558_s_at	3,5	Paired-like homeodomain transcription factor 2
214016_s_at	3,5	AL558875 LTI_NFL008_TC2 Homo sapiens cDNA clone CS0DJ015YJ02 5 prime, mRNA sequence.
212328_at	3,5	KIAA1102 protein
205758_at	3,5	wr28g01.x1 NCI_CGAP_Pr28 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2489040 3' similar to gb:M12824 T-CELL SURFACE GLYCOPROTEIN CD8 ALPHA CHAIN PRECURSOR (HUMAN);, mRNA sequence.
211641_x_at	3,5	gb:L06101.1 /DEF=Human IG VH-region gene, complete cds. /FEA=mRNA /GEN=IGH@ /PROD=immunoglobulin heavy chain V-region /DB_XREF=gi:185526 /FL=gb:L06101.1
204588_s_at	3,4	Solute carrier family 7 (cationic amino acid transporter, y+ system), member 7
217179_x_at	3,4	Immunoglobulin lambda locus
205463_s_at	3,4	Platelet-derived growth factor alpha polypeptide
202626_s_at	3,4	V-yes-1 Yamaguchi sarcoma viral related oncogene homolog
221698_s_at	3,4	C-type (calcium dependent, carbohydrate-recognition domain) lectin, superfamily member 12
203388_at	3,4	Arrestin, beta 2
202600_s_at	3,4	wj29e06.x1 NCI_CGAP_Kid12 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2404258 3' similar to SW:RII4_HUMAN P48552 NUCLEAR FACTOR RIP140. ;, mRNA sequence.
213793_s_at	3,4	7a25f02.x1 NCI_CGAP_GC6 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3219771 3' similar to TR:O96003 O96003 SYN47 PROTEIN. ;, mRNA sequence.
221899_at	3,4	wf64b09.x1 Soares_NFL_T_GBC_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2360345 3' similar to TR:Q92802 Q92802 HYPOTHETICAL 67.5 KD PROTEIN. ;, mRNA sequence.
206978_at	3,4	Chemokine (C-C motif) receptor 2
211555_s_at	3,4	Guanylate cyclase 1, soluble, beta 3
203304_at	3,4	Putative transmembrane protein
214467_at	3,4	G protein-coupled receptor 65
204983_s_at	3,4	Glypican 4
219696_at	3,4	Hypothetical protein
221234_s_at	3,3	BTB and CNC homology 1, basic leucine zipper transcription factor 2
213891_s_at	3,3	wo87f01.x1 NCI_CGAP_Kid11 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2462329 3' similar to contains element LTR3 repetitive element ;, mRNA sequence.
207996_s_at	3,3	Chromosome 18 open reading frame 1
205483_s_at	3,3	Interferon-stimulated protein, 15 kDa
216745_x_at	3,3	SEE ALSO
219737_s_at	3,3	th09d11.x1 NCI_CGAP_CLL1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2117781 3' similar to TR:Q08174 Q08174

ID	cf	Gen
		PROTOCADHERIN 42 PRECURSOR ;, mRNA sequence.
64064_at	3,3	th95b11.x1 Soares_NSF_F8_9W_OT_PA_P_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2126397 3', mRNA sequence.
206331_at	3,3	Calcitonin receptor-like
214290_s_at	3,3	zv75c06.r1 Soares_total_fetus_Nb2HF8_9w Homo sapiens cDNA clone IMAGE:759466 5' similar to gb:L19779 HISTONE H2A.1 (HUMAN);, mRNA sequence.
203485_at	3,3	Reticulon 1
203528_at	3,3	Sema domain, immunoglobulin domain (Ig), transmembrane domain (TM) and short cytoplasmic domain, (semaphorin) 4D
AFFX-r2-Hs18SrRNA-5_at	3,3	Human 18S rRNA gene, complete.
218589_at	3,3	Purinergic receptor (family A group 5)
206169_x_at	3,2	KIAA1031 protein
217067_s_at	3,2	Human dentin matrix acidic phosphoprotein (DMP1) gene, partial cds.
213017_at	3,2	AL534702 LTI_FL013_FBrn1 Homo sapiens cDNA clone CS0DF006YN17 3 prime, mRNA sequence.
221210_s_at	3,2	Chromosome 1 open reading frame 13
203685_at	3,2	B-cell CLL/lymphoma 2
204168_at	3,2	Microsomal glutathione S-transferase 2
204236_at	3,2	Friend leukemia virus integration 1
206059_at	3,2	Zinc finger protein 91 (HPF7, HTF10)
205171_at	3,2	Protein tyrosine phosphatase, non-receptor type 4 (megakaryocyte)
203397_s_at	3,2	7h87d05.x1 NCI_CGAP_Co16 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3322953 3', mRNA sequence.
217317_s_at	3,2	D15F37 (pseudogene)
207598_x_at	3,2	X-ray repair complementing defective repair in Chinese hamster cells 2
218683_at	3,2	Neural polypyrimidine tract binding protein
212558_at	3,2	UI-H-BI4-aop-c-11-0-ULs1 NCI_CGAP_Sub8 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3085461 3', mRNA sequence.
219213_at	3,2	Junctional adhesion molecule 2
207655_s_at	3,2	B-cell linker
201363_s_at	3,2	NS1-binding protein
209168_at	3,1	Glycoprotein M6B
222218_s_at	3,1	Paired immunoglobulin-like receptor alpha
203632_s_at	3,1	G protein-coupled receptor, family C, group 5, member B
202743_at	3,1	601440792T1 NIH_MGC_72 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3915695 3', mRNA sequence.
218675_at	3,1	Organic cation transporter
205685_at	3,1	naf24d07.x1 Soares_NPBMC Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4141884 3', mRNA sequence.
221942_s_at	3,1	as92b12.x1 Barstead aorta HPLRB6 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2353055 3' similar to gb:X66534_cds1 GUANYLATE CYCLASE SOLUBLE, ALPHA-3 CHAIN (HUMAN);, mRNA sequence.
204502_at	3,1	SAM domain and HD domain, 1
203471_s_at	3,1	Pleckstrin
209606_at	3,1	Pleckstrin homology, Sec7 and coiled/coil domains, binding protein
215017_s_at	3,1	xs06c12.x1 NCI_CGAP_Kid11 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2768854 3', mRNA sequence.
206133_at	3,1	XIAP associated factor-1
205567_at	3,1	Carbohydrate (keratan sulfate Gal-6) sulfotransferase 1
204118_at	3,1	CD48 antigen (B-cell membrane protein)
205291_at	3,1	Interleukin 2 receptor, beta
216187_x_at	3,1	MAPPING INFORMATION
215504_x_at	3,1	SEE ALSO
205119_s_at	3,1	Formyl peptide receptor 1
218693_at	3,1	Transmembrane 4 superfamily member (tetraspan NET-7)
213707_s_at	3,0	Consensus includes gb:NM_005221.3 /DEF=Homo sapiens distal-less homeo box 5 (DLX5), mRNA. /FEA=CD5 /GEN=DLX5 /PROD=distal-less homeo box 5 /DB_XREF=gi:6224974 /UG=Hs.99348 distal-less homeo box 5 /FL=gb:NM_005221.3
219523_s_at	3,0	Hypothetical protein FLJ10474
206953_s_at	3,0	Latrophilin
205303_at	3,0	UI-H-BW1-anc-e-06-0-ULs1 NCI_CGAP_Sub7 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3072082 3', mRNA sequence.
213733_at	3,0	7n13g08.x1 NCI_CGAP_Brn23 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3564495 3' similar to TR:O00160 O00160 MYOSIN-IE ;, mRNA sequence.
212543_at	3,0	Absent in melanoma 1
212964_at	3,0	HIC1-related gene on chromosome 22
209540_at	3,0	Insulin-like growth factor 1 (somatomedin C)
218486_at	3,0	zo30d02.s1 Stratagene colon (#937204) Homo sapiens cDNA clone IMAGE:588387 3', mRNA sequence.
210964_s_at	3,0	Glycogenin 2
211795_s_at	3,0	FYN-binding protein (FYB-120/130)
206214_at	3,0	Phospholipase A2, group VII (platelet-activating factor acetylhydrolase, plasma)
209933_s_at	3,0	Leukocyte membrane antigen
212548_s_at	3,0	KIAA0826 protein
205159_at	3,0	AV756141 BM Homo sapiens cDNA clone BMFAKF10 5', mRNA sequence.
204633_s_at	3,0	Ribosomal protein S6 kinase, 90kD, polypeptide 5
219540_at	3,0	AU150728 NT2RP2 Homo sapiens cDNA clone NT2RP2003470 3', mRNA sequence.
213107_at	3,0	yx78a01.s1 Soares melanocyte 2NbHM Homo sapiens cDNA clone IMAGE:267816 3', mRNA sequence.
210663_s_at	3,0	Kynureninase (L-kynurenine hydrolase)
221768_at	3,0	AV705803 ADB Homo sapiens cDNA clone ADBAFG09 5', mRNA sequence.
214218_s_at	3,0	AV699347 GKC Homo sapiens cDNA clone GKCBPH07 3', mRNA sequence.
215203_at	3,0	xu43g07.x1 NCI_CGAP_HN9 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2804508 3' similar to contains Alu repetitive element;, mRNA sequence.
204328_at	3,0	Expressed in activated T/LAK lymphocytes
210592_s_at	3,0	Spermidine/spermine N1-acetyltransferase

ID	cf	Gen
210674_s_at	3,0	Protocadherin alpha 12
202946_s_at	3,0	KIAA0952 protein
220122_at	3,0	Hypothetical protein FLJ22344
218676_s_at	3,0	Phosphatidylcholine transfer protein
209586_s_at	3,0	TcD37 homolog
205128_x_at	3,0	Prostaglandin-endoperoxide synthase 1 (prostaglandin G/H synthase and cyclooxygenase)
205827_at	3,0	Cholecystokinin
206574_s_at	2,9	Protein tyrosine phosphatase type IVA, member 3
214560_at	2,9	Formyl peptide receptor-like 2
209473_at	2,9	AV717590 DCB Homo sapiens cDNA clone DCBCFE01 5', mRNA sequence.
213032_at	2,9	SEE ALSO
205247_at	2,9	wg53a06.x1 Soares_NSF_F8_9W_OT_PA_P_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2368786 3', mRNA sequence.
203057_s_at	2,9	PR domain containing 2, with ZNF domain
205668_at	2,9	Lymphocyte antigen 75
209591_s_at	2,9	Bone morphogenetic protein 7 (osteogenic protein 1)
209474_s_at	2,9	Ectonucleoside triphosphate diphosphohydrolase 1
210992_x_at	2,9	Fc fragment of IgG, low affinity IIa, receptor for (CD32)
219697_at	2,9	Heparan sulfate (glucosamine) 3-O-sulfotransferase 2
205147_x_at	2,9	Neutrophil cytosolic factor 4 (40kD)
215813_s_at	2,9	Prostaglandin-endoperoxide synthase 1 (prostaglandin G/H synthase and cyclooxygenase)
205160_at	2,9	Peroxisomal biogenesis factor 11A
203992_s_at	2,9	Ubiquitously transcribed tetratricopeptide repeat gene, X chromosome
212820_at	2,9	KIAA0856 protein
212430_at	2,9	Consensus includes gb:AL109955 /DEF=Human DNA sequence from clone RP4-800J21 on chromosome 20 Contains ESTs, STSs, GSSs and CpG islands. Contains the 3 part of the RAE1 gene for a homolog to RNA export protein 1 from S.pombe and the gene for the ssDNA bin
205345_at	2,9	BRCA1 associated RING domain 1
212657_s_at	2,9	xc08g03.x1 NCI_CGAP_Co21 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2583700 3' similar to gb:X64532_rna1 INTERLEUKIN-1 RECEPTOR ANTAGONIST PROTEIN PRECURSOR (HUMAN);contains element MER7 MER7 repetitive element ;, mRNA sequence.
208246_x_at	2,9	Hypothetical protein FLJ20006
212638_s_at	2,9	601820701F1 NIH_MGC_58 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4052256 5', mRNA sequence.
219694_at	2,9	Hypothetical protein
213605_s_at	2,8	Consensus includes gb:AL049987.1 /DEF=Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp564F112 (from clone DKFZp564F112). /FEA=mRNA /DB_XREF=gi:4884238 /UG=Hs.166361 Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp564F112 (from clone DKFZp564F112)
203780_at	2,8	Epithelial V-like antigen 1
220301_at	2,8	Hypothetical protein FLJ23594
216115_at	2,8	Consensus includes gb:AK024873.1 /DEF=Homo sapiens cDNA: FLJ21220 fis, clone COL00546. /FEA=mRNA /DB_XREF=gi:10437285 /UG=Hs.306713 Homo sapiens cDNA: FLJ21220 fis, clone COL00546
212469_at	2,8	IDN3 protein
211944_at	2,8	KIAA1096 protein
203651_at	2,8	Endosome-associated FYVE-domain protein
208707_at	2,8	KIAA1856 protein
217080_s_at	2,8	Homer, neuronal immediate early gene, 2
38487_at	2,8	Start codon is not identified. ha04606 cDNA clone for KIAA0246 has a 1-bp deletion at the position 2638 of the sequence of KIAA0246; Homo sapiens mRNA for KIAA0246 protein, partial cds.
219004_s_at	2,8	Chromosome 21 open reading frame 45
215604_x_at	2,8	Consensus includes gb:AK023783.1 /DEF=Homo sapiens cDNA FLJ13721 fis, clone PLACE2000450. /FEA=mRNA /DB_XREF=gi:10435820 /UG=Hs.289035 Homo sapiens cDNA FLJ13721 fis, clone PLACE2000450
213182_x_at	2,8	y174c04.r1 Soares placenta Nb2HP Homo sapiens cDNA clone IMAGE:144966 5', mRNA sequence.
206028_s_at	2,8	C-mer proto-oncogene tyrosine kinase
219743_at	2,8	Hairy/enhancer-of-split related with YRPW motif 2
205366_s_at	2,8	Homeo box B6
219167_at	2,8	Ris
205686_s_at	2,8	CD86 antigen (CD28 antigen ligand 2, B7-2 antigen)
222001_x_at	2,8	qb51h08.x1 NCI_CGAP_Brn23 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1703679 3', mRNA sequence.
207677_s_at	2,8	Neutrophil cytosolic factor 4 (40kD)
219890_at	2,8	C-type (calcium dependent, carbohydrate-recognition domain) lectin, superfamily member 5
200644_at	2,8	Macrophage myristoylated alanine-rich C kinase substrate
211557_x_at	2,8	Solute carrier family 21 (organic anion transporter), member 9
203345_s_at	2,8	tn53d02.x1 NCI_CGAP_Kid11 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2172099 3' similar to TR:Q02395 Q02395 M96=METAL RESPONSE ELEMENT DNA-BINDING PROTEIN. ;, mRNA sequence.
204845_s_at	2,8	Glutamyl aminopeptidase (aminopeptidase A)
213089_at	2,8	AU158490 PLACE3 Homo sapiens cDNA clone PLACE3000042 3', mRNA sequence.
209815_at	2,8	Patched (Drosophila) homolog
212636_at	2,8	match: proteins O42476 Q94539; match: protein O88972; match: cDNA AF091047; owing to a different in-frame ORF, the translation of the last coding exon (8 C-terminal amino-acids) differs from that in mouse and is terminated more upstream; match: protein Q61110; Human DNA sequence from clone 51J12 on chromosome 6q26-27. Contains the 3' part of the alternatively spliced gene for the human orthologs of mouse QKI-7 and QKI-7B (KH Domain RNA Binding proteins) and zebrafish ZKQ-1 (Quaking protein homolog). Contains ESTs, STSs and GSSs, complete sequence.
217985_s_at	2,7	zn42c01.s1 Stratagene endothelial cell 937223 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:550080 3', mRNA sequence.
210222_s_at	2,7	Reticulon 1
203455_s_at	2,7	Spermidine/spermine N1-acetyltransferase
206420_at	2,7	Immunoglobulin superfamily, member 6
221266_s_at	2,7	DC-specific transmembrane protein
219574_at	2,7	Hypothetical protein FLJ20668

ID	cf	Gen
38964_r_at	2,7	Human Wiskott-Aldrich syndrome protein (WASP) mRNA, complete cds.
209031_at	2,7	Immunoglobulin superfamily, member 4
210962_s_at	2,7	A kinase (PRKA) anchor protein (yotiao) 9
218614_at	2,7	Hypothetical protein FLJ10652
219528_s_at	2,7	B-cell CLL/lymphoma 11B (zinc finger protein)
204967_at	2,7	Apical protein, Xenopus laevis-like
206896_s_at	2,7	Guanine nucleotide binding protein (G protein), gamma 7
210038_at	2,7	Consensus includes gb:AL137145 /DEF=Human DNA sequence from clone RP11-563J2 on chromosome 10 Contains ESTs, STSs, GSSs and a CpG island. Contains a novel pseudogene and the 3 part of the PRKCQ gene for protein kinase C theta /FEA=mRNA /DB_XREF=gi:9581557
203472_s_at	2,7	Solute carrier family 21 (organic anion transporter), member 9
216191_s_at	2,7	T cell receptor delta locus
211913_s_at	2,7	gb:L08961.1 /DEF=Homo sapiens transmembrane tyrosine kinase mRNA, complete cds. /FEA=CDS /PROD=tyrosine kinase /DB_XREF=gi:897614 /FL=gb:L08961.1
211395_x_at	2,7	Fc fragment of IgG, low affinity IIb, receptor for (CD32)
205698_s_at	2,7	Mitogen-activated protein kinase kinase 6
206792_x_at	2,7	Phosphodiesterase 4C, cAMP-specific (dunce (Drosophila)-homolog phosphodiesterase E1)
219947_at	2,7	C-type (calcium dependent, carbohydrate-recognition domain) lectin, superfamily member 6
203698_s_at	2,7	Frizzled-related protein
208121_s_at	2,7	gb:Nm_002848.2 /DEF=Homo sapiens protein tyrosine phosphatase, receptor type, O (PTPRO), transcript variant 2, mRNA. /FEA=mRNA /GEN=PTPRO /PROD=receptor-type protein tyrosine phosphatase O, isoform b precursor /DB_XREF=gi:13677212 /FL=gb:Nm_002848.2
203413_at	2,7	Nel (chicken)-like 2
203615_x_at	2,7	Sulfotransferase family, cytosolic, 1A, phenol-preferring, member 1
209082_s_at	2,7	Collagen, type XVIII, alpha 1
205242_at	2,7	Small inducible cytokine B subfamily (Cys-X-Cys motif), member 13 (B-cell chemoattractant)
205281_s_at	2,7	Phosphatidylinositol glycan, class A (paroxysmal nocturnal hemoglobinuria)
208997_s_at	2,7	Uncoupling protein 2 (mitochondrial, proton carrier)
47550_at	2,7	yx41a10.s1 Soares melanocyte 2NbHM Homo sapiens cDNA clone IMAGE:264282 3', mRNA sequence.
213894_at	2,7	7p46g06.x1 NCI_CGAP_Pr28 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3648970 3', mRNA sequence.
213508_at	2,7	zl43c04.s1 Soares_pregnant_uterus_NbHPU Homo sapiens cDNA clone IMAGE:504678 3', mRNA sequence.
210273_at	2,7	BH-protocadherin (brain-heart)
219873_at	2,7	Hypothetical protein MGC3279 similar to collectins
201341_at	2,7	Ectodermal-neural cortex (with BTB-like domain)
207697_x_at	2,6	Leukocyte immunoglobulin-like receptor, subfamily B (with TM and ITIM domains), member 2
209879_at	2,6	wg25h08.x1 Soares_NSF_F8_9W_OT_PA_P_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2366175 3', mRNA sequence.
216235_s_at	2,6	Endothelin receptor type A
222026_at	2,6	7p74e11.x1 NCI_CGAP_Pr28 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3651572 3' similar to contains element MSR1 repetitive element ;, mRNA sequence.
222106_at	2,6	Consensus includes gb:AL133396 /DEF=Human DNA sequence from clone RP5-1068H6 on chromosome 20q11.1-11.23. Contains a pseudogene similar to IDI1 (isopentenyl-diphosphate delta isomerase), the gene for the prion protein like doppel protein, the PRNP gene
213165_at	2,6	ov77g06.x1 Soares_testis_NHT Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1643386 3', mRNA sequence.
205660_at	2,6	2'-5'-oligoadenylate synthetase-like
204689_at	2,6	Hematopoietically expressed homeobox
214715_x_at	2,6	KRAB zinc finger protein KR18
218764_at	2,6	Hypothetical protein MGC5363
213301_x_at	2,6	AL538264.LTI_FL013_FBrn1 Homo sapiens cDNA clone CS0DF027YG21 3 prime, mRNA sequence.
206766_at	2,6	Integrin, alpha 10
215695_s_at	2,6	Glycogenin 2
203429_s_at	2,6	Chromosome 1 open reading frame 9
49452_at	2,6	oy31h06.x1 Soares_parathyroid_tumor_NbHPA Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1667483 3', mRNA sequence.
202192_s_at	2,6	Growth arrest-specific 7
214053_at	2,6	hn69f02.x1 NCI_CGAP_Kid11 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3033147 3', mRNA sequence.
214855_s_at	2,6	DKFZp566D133 protein
210547_x_at	2,6	Islet cell autoantigen 1 (69kD)
219981_x_at	2,6	Hypothetical protein FLJ20813
203760_s_at	2,6	Src-like-adaptor
220146_at	2,6	Toll-like receptor 7
206666_at	2,6	Granzyme K (serine protease, granzyme 3; tryptase II)
211138_s_at	2,6	Kynurenine 3-monooxygenase (kynurenine 3-hydroxylase)
212385_at	2,6	SEE ALSO
218971_s_at	2,6	HSPC049 protein
212920_at	2,6	AV682285 GKB Homo sapiens cDNA clone GKBACA04 5', mRNA sequence.
213110_s_at	2,6	wx26h09.x1 NCI_CGAP_Kid11 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2544833 3', mRNA sequence.
212919_at	2,5	AV715578 DCB Homo sapiens cDNA clone DCBBJG09 5', mRNA sequence.
212546_s_at	2,5	KIAA0826 protein
208072_s_at	2,5	Diacylglycerol kinase, delta (130kD)
220840_s_at	2,5	Hypothetical protein FLJ10706
222312_s_at	2,5	EST381881 MAGE resequences, MAGK Homo sapiens cDNA, mRNA sequence.
210644_s_at	2,5	Leukocyte-associated Ig-like receptor 1
209839_at	2,5	KIAA0820 protein
202869_at	2,5	2',5'-oligoadenylate synthetase 1 (40-46 kD)
211576_s_at	2,5	Solute carrier family 19 (folate transporter), member 1
217986_s_at	2,5	Bromodomain adjacent to zinc finger domain, 1A
211868_x_at	2,5	SEE ALSO

ID	cf	Gen
205609_at	2,5	Angiotensinogen 1
214603_at	2,5	Zinc finger protein 185 (LIM domain)
51158_at	2,5	tx29d05.x1 NCI_CGAP_Lu24 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2270985 3', mRNA sequence.
212520_s_at	2,5	tx79f11.x1 NCI_CGAP_Ut1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2275821 3' similar to TR:Q90753 Q90753 BRG1 PROTEIN. ; mRNA sequence.
219736_at	2,5	Tripartite motif-containing 36
201970_s_at	2,5	Nuclear autoantigenic sperm protein (histone-binding)
200648_s_at	2,5	Glutamate-ammonia ligase (glutamine synthase)
212483_at	2,5	IDN3 protein
209289_at	2,5	we37d09.x1 NCI_CGAP_Lu24 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2343281 3', mRNA sequence.
222016_s_at	2,5	xc75a03.x1 NCI_CGAP_Ov32 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2590060 3', mRNA sequence.
216791_at	2,5	SEE ALSO
219673_at	2,5	Hypothetical protein FLJ20170
212239_at	2,5	Phosphoinositide-3-kinase, regulatory subunit, polypeptide 1 (p85 alpha)
219433_at	2,5	Hypothetical protein FLJ20285
212386_at	2,5	SEE ALSO
213956_at	2,5	xs38h10.x1 NCI_CGAP_Kid11 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2771971 3', mRNA sequence.
209680_s_at	2,5	Kinesin-like 2
218943_s_at	2,5	RNA helicase
206551_x_at	2,5	Hypothetical protein FLJ20059
208535_x_at	2,5	Collagen, type XIII, alpha 1
217269_s_at	2,5	Protease, serine, 7 (enterokinase)
222030_at	2,5	wt69h11.x1 Soares_thymus_NHFT Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2512773 3' similar to TR:O15304 O15304 CD27BP. ; mRNA sequence.
222186_at	2,5	Consensus includes gb:AL109684.1 /DEF=Homo sapiens mRNA full length insert cDNA clone EUROIMAGE 27080. /FEA=mRNA /DB_XREF=gi:5689805 /UG=Hs.306329 Homo sapiens mRNA full length insert cDNA clone EUROIMAGE 27080
219615_s_at	2,4	Potassium channel, subfamily K, member 5 (TASK-2)
214581_x_at	2,4	601341661F1 NIH_MGC_53 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3683823 5', mRNA sequence.
203387_s_at	2,4	KIAA0603 gene product
205403_at	2,4	Interleukin 1 receptor, type II
206715_at	2,4	Transcription factor EC
212991_at	2,4	F-box only protein 9
207691_x_at	2,4	Ectonucleoside triphosphate diphosphohydrolase 1
209336_at	2,4	PWP2 (periodic tryptophan protein, yeast) homolog
210783_x_at	2,4	Stem cell growth factor; lymphocyte secreted C-type lectin
213742_at	2,4	xn74f04.x1 Soares_NFL_T_GBC_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2700223 3' similar to TR:Q05519 Q05519 ARGININE-RICH 54 KD NUCLEAR PROTEIN. ; mRNA sequence.
204061_at	2,4	Protein kinase, X-linked
212884_x_at	2,4	qy24a09.x1 NCI_CGAP_Brn23 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2012920 3' similar to gb:M12529 APOLIPOPROTEIN E PRECURSOR (HUMAN);contains PTR5.t3 TAR1 repetitive element ; mRNA sequence.
206451_at	2,4	Hypothetical protein FLJ10560
204563_at	2,4	Selectin L (lymphocyte adhesion molecule 1)
210942_s_at	2,4	Alpha2,3-sialyltransferase
214734_at	2,4	KIAA0624 protein
221840_at	2,4	ac79a06.s1 Stratagene lung (#937210) Homo sapiens cDNA clone IMAGE:868786 3', mRNA sequence.
214902_x_at	2,4	Consensus includes gb:AL080232.1 /DEF=Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp586A061 (from clone DKFZp586A061). /FEA=mRNA /DB_XREF=gi:5262725 /UG=Hs.220696 Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp586A061 (from clone DKFZp586A061)
205348_s_at	2,4	Dynein, cytoplasmic, intermediate polypeptide 1
205260_s_at	2,4	Acylphosphatase 1, erythrocyte (common) type
212606_at	2,4	wf27d05.x1 Soares_NFL_T_GBC_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2356809 3', mRNA sequence.
213353_at	2,4	602082488F1 NIH_MGC_81 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4246917 5', mRNA sequence.
213049_at	2,4	602509062F1 NIH_MGC_79 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4619679 5', mRNA sequence.
203255_at	2,4	Vitiligo-associated protein VII-1
206405_x_at	2,4	Ubiquitin specific protease 6 (Tre-2 oncogene)
206974_at	2,4	G protein-coupled receptor
209032_s_at	2,4	Immunoglobulin superfamily, member 4
219183_s_at	2,4	Pleckstrin homology, Sec7 and coiled/coiled domains 4
214920_at	2,4	yh74c03.r1 Soares_placenta Nb2HP Homo sapiens cDNA clone IMAGE:135460 5' similar to contains Alu repetitive element; mRNA sequence.
215418_at	2,4	Parvin, alpha
213194_at	2,4	7k66g04.x1 NCI_CGAP_GC6 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3480391 3', mRNA sequence.
214163_at	2,4	AV700696 GKC Homo sapiens cDNA clone GKCAHB05 3', mRNA sequence.
220027_s_at	2,4	Hypothetical protein FLJ20401
209437_s_at	2,4	Spondin 1, (f-spondin) extracellular matrix protein
212188_at	2,3	Consensus includes gb:AA551075 /FEA=EST /DB_XREF=gi:2321327 /DB_XREF=est:nk74h06.s1 /CLONE=IMAGE:1019291 /UG=Hs.109438 Homo sapiens clone 24775 mRNA sequence
219225_at	2,3	Hypothetical protein FLJ11413
201362_at	2,3	NS1-binding protein
204286_s_at	2,3	Phorbol-12-myristate-13-acetate-induced protein 1
214058_at	2,3	short form; Human L-myc protein gene, complete cds.
216061_x_at	2,3	Platelet-derived growth factor beta polypeptide (simian sarcoma viral (v-sis) oncogene homolog)
210797_s_at	2,3	2'-5'-oligoadenylate synthetase-like
215001_s_at	2,3	Glutamate-ammonia ligase (glutamine synthase)
206682_at	2,3	Macrophage lectin 2 (calcium dependent)
210754_s_at	2,3	V-yes-1 Yamaguchi sarcoma viral related oncogene homolog

ID	cf	Gen
212852_s_at	2,3	Sjogren syndrome antigen A2 (60kD, ribonucleoprotein autoantigen SS-A/Ro)
212681_at	2,3	wh66d06.x1 NCI_CGAP_Kid11 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2385707 3', mRNA sequence.
32137_at	2,3	Notch ligand; Homo sapiens Jagged2 (JAG2) mRNA, complete cds.
212966_at	2,3	HIC1-related gene on chromosome 22
219519_s_at	2,3	Sialoadhesin
212616_at	2,3	KIAA0308 protein
211700_s_at	2,3	Trophinin
219258_at	2,3	Hypothetical protein FLJ20516
217671_at	2,3	hz59a04.x1 NCI_CGAP_Lu24 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3212238 3' similar to contains Alu repetitive element; mRNA sequence.
203488_at	2,3	Lectomedin-2
213475_s_at	2,3	Consensus includes gb:AC002310 /DEF=Human Chromosome 16 BAC clone CIT987SK-A-635H12 /FEA=mRNA_2 /DB_XREF=gi:2576342 /UG=Hs.174103 integrin, alpha L (antigen CD11A (p180), lymphocyte function-associated antigen 1; alpha polypeptide)
215383_x_at	2,3	Consensus includes gb:AL137312.1 /DEF=Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp761K23121 (from clone DKFZp761K23121). /FEA=mRNA /DB_XREF=gi:6807797 /UG=Hs.293681 Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp761K23121 (from clone DKFZp761K23121)
221958_s_at	2,3	z31a02.s1 Soares_fetal_heart_NbHH19W Homo sapiens cDNA clone IMAGE:378506 3', mRNA sequence.
210361_s_at	2,3	E74-like factor 2 (ets domain transcription factor)
202662_s_at	2,3	Inositol 1,4,5-triphosphate receptor, type 2
219957_at	2,3	Hypothetical protein FLJ10063
221649_s_at	2,3	Peter pan (Drosophila) homolog
221245_s_at	2,3	Hypothetical protein DKFZp434E2135
211709_s_at	2,3	Stem cell growth factor; lymphocyte secreted C-type lectin
216977_x_at	2,3	Small nuclear ribonucleoprotein polypeptide A'
208155_x_at	2,3	G antigen 6
217235_x_at	2,3	Consensus includes gb:D84140.1 /DEF=Human immunoglobulin (mAb56) light chain V region mRNA, partial sequence. /FEA=mRNA /PROD=immunoglobulin light chain V-J region /DB_XREF=gi:1255610 /UG=Hs.248043 Human immunoglobulin (mAb56) light chain V region mRNA,
117_at	2,3	heat-shock protein HSP70B; Human heat-shock protein HSP70B' gene.
205642_at	2,3	Centrosomal protein 1
219544_at	2,3	Hypothetical protein FLJ22624
213538_at	2,3	wd28b10.x1 Soares_NFL_T_GBC_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2329435 3' similar to contains element TAR1 repetitive element ; mRNA sequence.
205131_x_at	2,3	Stem cell growth factor; lymphocyte secreted C-type lectin
208137_x_at	2,3	Hypothetical protein MGC5384
209870_s_at	2,3	xx33d04.x1 NCI_CGAP_Ut1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2839303 3', mRNA sequence.
213649_at	2,3	ng33b07.s1 NCI_CGAP_Co3 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:936565 3', mRNA sequence.
202251_at	2,3	U4/U6-associated RNA splicing factor
211034_s_at	2,3	KIAA0614 protein
206171_at	2,3	Adenosine A3 receptor
208882_s_at	2,2	U69567 Soares infant brain 1NIB Homo sapiens cDNA clone c-2mell, mRNA sequence.
209704_at	2,2	Putative DNA binding protein
203697_at	2,2	Frizzled-related protein
202379_s_at	2,2	qz24g07.x1 NCI_CGAP_CLL1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2027868 3' similar to gb:L04288 NK-TUMOR RECOGNITION PROTEIN (HUMAN); mRNA sequence.
213694_at	2,2	wt73e07.x1 Soares_thymus_NHFT Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2513124 3', mRNA sequence.
201924_at	2,2	Myeloid/lymphoid or mixed-lineage leukemia (trithorax (Drosophila) homolog); translocated to, 2
218259_at	2,2	KIAA1243 protein
214055_x_at	2,2	xp29d03.x1 NCI_CGAP_HN10 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2741765 3' similar to TR:Q9Z1R1 Q9Z1R1 BAT2. ;contains element L1 repetitive element ; mRNA sequence.
202350_s_at	2,2	Matrilin 2
207490_at	2,2	Likely ortholog of mouse tubulin alpha 4
221802_s_at	2,2	AU157109 PLACE1 Homo sapiens cDNA clone PLACE1006159 3', mRNA sequence.
212293_at	2,2	KIAA0630 protein
219312_s_at	2,2	Zinc finger protein RINZF
217682_at	2,2	UI-HF-BN0-akw-c-02-0-UI.r1 NIH_MGC_50 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3078507 5', mRNA sequence.
204365_s_at	2,2	Hypothetical protein FLJ13110
204784_s_at	2,2	Myeloid leukemia factor 1
204783_at	2,2	Myeloid leukemia factor 1
213510_x_at	2,2	xb27c02.x1 NCI_CGAP_Kid13 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2577506 3', mRNA sequence.
206805_at	2,2	Sema domain, immunoglobulin domain (Ig), short basic domain, secreted, (semaphorin) 3A
210471_s_at	2,2	Potassium voltage-gated channel, shaker-related subfamily, beta member 1
218500_at	2,2	Mesenchymal stem cell protein DSCD75
209582_s_at	2,2	ym49a05.s1 Soares infant brain 1NIB Homo sapiens cDNA clone IMAGE:51363 3', mRNA sequence.
204115_at	2,2	Guanine nucleotide binding protein 11
209030_s_at	2,2	Immunoglobulin superfamily, member 4
203240_at	2,2	Fc fragment of IgG binding protein
218311_at	2,2	Mitogen-activated protein kinase kinase kinase 3
217546_at	2,2	yf10e02.r1 Soares fetal liver spleen 1NFLS Homo sapiens cDNA clone IMAGE:126458 5', mRNA sequence.
212387_at	2,2	Consensus includes gb:BG495771 /FEA=EST /DB_XREF=gi:13457287 /DB_XREF=est:602540396F1 /CLONE=IMAGE:4671599 /UG=Hs.289068 Homo sapiens cDNA FLJ11918 fis, clone HEMBB1000272
220150_s_at	2,2	Hypothetical protein FLJ13942
202502_at	2,2	Acyl-Coenzyme A dehydrogenase, C-4 to C-12 straight chain
215346_at	2,2	602145911F1 NIH_MGC_48 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4309610 5', mRNA sequence.
203408_s_at	2,2	Special AT-rich sequence binding protein 1 (binds to nuclear matrix/scaffold-associating DNA's)
216397_s_at	2,2	Block of proliferation 1

ID	cf	Gen
206695_x_at	2,2	Zinc finger protein 43 (HTF6)
215012_at	2,2	AU144775 HEMBA1 Homo sapiens cDNA clone HEMBA1002935 3', mRNA sequence.
202464_s_at	2,2	6-phosphofructo-2-kinase/fructose-2,6-biphosphatase 3
209234_at	2,2	nac76d12.x1 NCI_CGAP_Brn23 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3440303 3', mRNA sequence.
215204_at	2,2	AU147295 MAMMA1 Homo sapiens cDNA clone MAMMA1000264 3', mRNA sequence.
218674_at	2,2	Hypothetical protein FLJ13611
204466_s_at	2,2	602371523F1 NIH_MGC_93 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4479556 5', mRNA sequence.
218629_at	2,2	Smoothed (Drosophila) homolog
217916_s_at	2,2	Hypothetical protein
219892_at	2,2	Transmembrane 6 superfamily member 1
203922_s_at	2,2	qo78d02.x1 NCI_CGAP_Kid5 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1914627 3' similar to gb:X04011_cds1 CYTOCHROME B-245 HEAVY CHAIN (HUMAN);, mRNA sequence.
213918_s_at	2,2	7o60b03.x1 NCI_CGAP_Pr28 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3578429 3' similar to TR:Q9Y6Y3 Q9Y6Y3 IDN3-B PROTEIN. ;, mRNA sequence.
215596_s_at	2,2	Zinc finger protein 294
221326_s_at	2,2	Delta-tubulin
218067_s_at	2,2	Hypothetical protein FLJ10154
205431_s_at	2,2	Bone morphogenetic protein 5
209481_at	2,2	KIAA0096 protein
209719_x_at	2,2	Serine (or cysteine) proteinase inhibitor, clade B (ovalbumin), member 3
206363_at	2,2	V-maf musculoaponeurotic fibrosarcoma (avian) oncogene homolog
205097_at	2,2	ov75c04.x1 Soares_testis_NHT Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1643142 3', mRNA sequence.
218502_s_at	2,2	Trichorhinophalangeal syndrome I
204068_at	2,2	Serine/threonine kinase 3 (Ste20, yeast homolog)
222207_x_at	2,2	SEE ALSO
218362_s_at	2,1	KIAA1008 protein
201447_at	2,1	TIA1 cytotoxic granule-associated RNA-binding protein
221729_at	2,1	Collagen, type V, alpha 2
212192_at	2,1	SEE ALSO
205926_at	2,1	Class I cytokine receptor
203216_s_at	2,1	Myosin VI
205943_at	2,1	Tryptophan 2,3-dioxygenase
205150_s_at	2,1	AV724192 HTB Homo sapiens cDNA clone HTBAXH10 5', mRNA sequence.
215978_x_at	2,1	SEE ALSO
207365_x_at	2,1	KIAA0570 gene product
209590_at	2,1	Consensus includes gb:AL157414 /DEF=Human DNA sequence from clone RP11-560A15 on chromosome 20 Contains part of a novel gene, the 3 part of the BMP7 (bone morphogenetic protein 7 (osteogenic protein 1)) gene, ESTs, STSs, GSSs and a CpG island /FEA=mRNA_1
220072_at	2,1	Hypothetical protein FLJ22490
215553_x_at	2,1	SELECTED MODEL ORGANISM PROTEIN SIMILARITIES
212240_s_at	2,1	Phosphoinositide-3-kinase, regulatory subunit, polypeptide 1 (p85 alpha)
214773_x_at	2,1	wt49h12.x1 NCI_CGAP_Pan1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2510855 3', mRNA sequence.
207956_x_at	2,1	Androgen-induced prostate proliferative shutoff associated protein
219421_at	2,1	Osmosis responsive factor
38766_at	2,1	Human mRNA for KIAA0309 gene, partial cds.
209543_s_at	2,1	CD34 antigen
221842_s_at	2,1	601652210F1 NIH_MGC_82 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3935546 5', mRNA sequence.
218280_x_at	2,1	H2A histone family, member O
207330_at	2,1	Pregnancy-zone protein
215222_x_at	2,1	Actin cross-linking factor
205789_at	2,1	CD1D antigen, d polypeptide
212382_at	2,1	SEE ALSO
219010_at	2,1	Hypothetical protein FLJ10901
212542_s_at	2,1	7q84c02.x1 NCI_CGAP_Lu24 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3704835 3', mRNA sequence.
206640_x_at	2,1	G antigen 7B
204994_at	2,1	Myxovirus (influenza) resistance 2, homolog of murine
213027_at	2,1	AU146655 HEMBB1 Homo sapiens cDNA clone HEMBB1001133 3', mRNA sequence.
221238_at	2,1	Nucleosomal binding protein 1
204861_s_at	2,1	Baculoviral IAP repeat-containing 1
202660_at	2,1	od63f10.s1 NCI_CGAP_GCB1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1372651, mRNA sequence.
208328_s_at	2,1	MADS box transcription enhancer factor 2, polypeptide A (myocyte enhancer factor 2A)
219157_at	2,1	Kelch (Drosophila)-like 2 (Mayven)
219510_at	2,1	Polymerase (DNA directed), theta
211126_s_at	2,1	Cysteine and glycine-rich protein 2
203347_s_at	2,1	Putative DNA binding protein
214438_at	2,1	H2.0 (Drosophila)-like homeo box 1
220306_at	2,1	Hypothetical protein FLJ20202
220796_x_at	2,1	Hypothetical protein FLJ14251
204923_at	2,1	Consensus includes gb:AL023653 /DEF=Human DNA sequence from clone 753P9 on chromosome Xq25-26.1. Contains the gene coding for Aminopeptidase P (EC 3.4.11.9, XAA-ProX-ProProlineAminoacylproline Aminopeptidase) and a novel gene. Contains ESTs, STSs, GSSs an
202220_at	2,1	KIAA0907 protein
206659_at	2,1	Hypothetical protein FLJ14082
208216_at	2,1	Distal-less homeobox 4
204160_s_at	2,1	xn32e06.x1 NCI_CGAP_Kid11 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2695426 3', mRNA sequence.
202880_s_at	2,1	Pleckstrin homology, Sec7 and coiled/coil domains 1(cytohesin 1)

ID	cf	Gen
210555_s_at	2,1	Nuclear factor of activated T-cells, cytoplasmic, calcineurin-dependent 3
217989_at	2,1	Retinal short-chain dehydrogenase/reductase retSDR2
207480_s_at	2,1	Meis (mouse) homolog 2
215404_x_at	2,1	Hypothetical protein FLJ14326
218265_at	2,1	Hypothetical protein MGC3156
217679_x_at	2,1	tx67h02.x1 NCI_CGAP_Ut1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2274675 3' similar to contains Alu repetitive element;; mRNA sequence.
202906_s_at	2,1	wh44g10.x1 NCI_CGAP_Kid11 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2383650 3' similar to TR:O60672 O60672 CELL CYCLE REGULATORY PROTEIN P95. [1] ; mRNA sequence.
211071_s_at	2,1	ALL1-fused gene from chromosome 1q
215599_at	2,1	Consensus includes gb:X83300.1 /DEF=H.sapiens SMA4 mRNA. /FEA=mRNA /GEN=SMA4 /DB_XREF=gi:603028 /UG=Hs.289103 SMA4
215128_at	2,1	AV704232 ADB Homo sapiens cDNA clone ADBBLB11 5', mRNA sequence.
202846_s_at	2,1	Phosphatidylinositol glycan, class C
213593_s_at	2,1	EST391005 MAGE resequences, MAGP Homo sapiens cDNA, mRNA sequence.
222371_at	2,1	ab23e08.x5 Stratagene lung (#937210) Homo sapiens cDNA clone IMAGE:841670 3' similar to contains element MER6 repetitive element ;, mRNA sequence.
201755_at	2,1	Minichromosome maintenance deficient (S. cerevisiae) 5 (cell division cycle 46)
213629_x_at	2,0	601854068F1 NIH_MGC_57 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4073921 5', mRNA sequence.
207128_s_at	2,0	Zinc finger protein 223
210163_at	2,0	Small inducible cytokine subfamily B (Cys-X-Cys), member 11
219670_at	2,0	Hypothetical protein FLJ11588
212888_at	2,0	602280883F1 NIH_MGC_86 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4368381 5', mRNA sequence.
215600_x_at	2,0	SEE ALSO
219648_at	2,0	Hypothetical protein FLJ10116
215179_x_at	2,0	SEE ALSO
205370_x_at	2,0	Dihydrolipoamide branched chain transacylase (E2 component of branched chain keto acid dehydrogenase complex; maple syrup urine disease)
218807_at	2,0	Vav 3 oncogene
205771_s_at	2,0	match: proteins: Sw:O55074 Sw:O43687; Human DNA sequence from clone RP1-104L14 on chromosome 6 Contains part of the AKAP7 (A kinase (PRKA) anchor protein 7) gene, ESTs, STSs and GSSs, complete sequence.
206053_at	2,0	KIAA0972 protein
221730_at	2,0	Collagen, type V, alpha 2
203856_at	2,0	Vaccinia related kinase 1
209377_s_at	2,0	Thyroid hormone receptor interactor 7
205255_x_at	2,0	Transcription factor 7 (T-cell specific, HMG-box)
213251_at	2,0	AV712064 DCA Homo sapiens cDNA clone DCAAUD05 5', mRNA sequence.
205583_s_at	2,0	Hypothetical protein FLJ23018
201589_at	2,0	SMC1 (structural maintenance of chromosomes 1, yeast)-like 1
205066_s_at	2,0	Ectonucleotide pyrophosphatase/phosphodiesterase 1
203505_at	2,0	ATP-binding cassette, sub-family A (ABC1), member 1
209574_s_at	2,0	qp71g08.x1 Soares_fetal_lung_NbHL19W Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1928510 3', mRNA sequence.
220113_x_at	2,0	Similar to DNA-directed RNA polymerase I (135 kDa)
210166_at	2,0	Toll-like receptor 5
212368_at	2,0	op90e07.s1 Soares_NFL_T_GBC_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1584132 3' similar to TR:Q63753 Q63753 ZINC-FINGER PROTEIN. ;, mRNA sequence.
212652_s_at	2,0	ng43a06.s1 NCI_CGAP_Co3 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:937522 3', mRNA sequence.
204412_s_at	2,0	Neurofilament, heavy polypeptide (200kD)
219821_s_at	2,0	Hypothetical protein
203888_at	2,0	Thrombomodulin
212710_at	2,0	hu44c03.x1 NCI_CGAP_Brn41 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3172900 3', mRNA sequence.
212366_at	2,0	op90e07.s1 Soares_NFL_T_GBC_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1584132 3' similar to TR:Q63753 Q63753 ZINC-FINGER PROTEIN. ;, mRNA sequence.
219286_s_at	2,0	RNA binding motif protein 15
217236_x_at	2,0	Immunoglobulin heavy constant mu
219546_at	2,0	Homolog of mouse BMP-2 inducible kinase
218738_s_at	2,0	STRIN protein
217274_x_at	2,0	Myosin, light polypeptide 4, alkali; atrial, embryonic
214807_at	2,0	ql83d01.x1 Soares_NhHMPu_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1878913 3' similar to contains Alu repetitive element;; mRNA sequence.
218113_at	2,0	Transmembrane protein 2
202935_s_at	2,0	te30c10.x1 Soares_NFL_T_GBC_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2087442 3' similar to SW:SOX9_HUMAN P48436 SOX-9 PROTEIN. ;contains Alu repetitive element;; mRNA sequence.
220133_at	2,0	Hypothetical protein FLJ20513
214403_x_at	2,0	tb39c07.x1 NCI_CGAP_Br17 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2056716 3', mRNA sequence.
217836_s_at	2,0	Hypothetical protein FLJ10875
202936_s_at	2,0	SRY (sex determining region Y)-box 9 (campomelic dysplasia, autosomal sex-reversal)
213134_x_at	2,0	wi80b08.x1 NCI_CGAP_Kid12 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2399607 3' similar to SW:BTG3_HUMAN Q14201 BTG3 PROTEIN ;, mRNA sequence.
216237_s_at	2,0	ob92c07.s1 NCI_CGAP_GCB1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1338828 3' similar to SW:MCM5_HUMAN P33992 DNA REPLICATION LICENSING FACTOR MCM5 ;, mRNA sequence.
200975_at	2,0	Palmitoyl-protein thioesterase 1 (ceroid-lipofuscinosis, neuronal 1, infantile)
211133_x_at	2,0	Leukocyte immunoglobulin-like receptor, subfamily B (with TM and ITIM domains), member 3
221727_at	2,0	601872674F1 NIH_MGC_54 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4096483 5', mRNA sequence.
203358_s_at	2,0	Enhancer of zeste (Drosophila) homolog 2
209588_at	2,0	AL530874 LTI_NFL001_NBC4 Homo sapiens cDNA clone CS0DD003YJ13 5 prime, mRNA sequence.
46665_at	2,0	wq11a04.x1 NCI_CGAP_Kid12 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2470926 3' similar to contains element MSR1

ID	cf	Gen
		repetitive element ;, mRNA sequence.
204029_at	2,0	Cadherin, EGF LAG seven-pass G-type receptor 2, flamingo (Drosophila) homolog
204121_at	2,0	Growth arrest and DNA-damage-inducible, gamma
213256_at	2,0	hg41g06.x1 NCI_CGAP_GC6 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2948218 3', mRNA sequence.
212061_at	2,0	KIAA0332 protein
217549_at	2,0	UI-HF-BL0-abq-b-09-0-UI.s1 NIH_MGC_37 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3057353 3', mRNA sequence.
215228_at	2,0	zq39f05.s1 Stratagene hNT neuron (#937233) Homo sapiens cDNA clone IMAGE:632097 3' similar to gb:M96740 HELIX-LOOP-HELIX PROTEIN 2 (HUMAN);, mRNA sequence.
218150_at	2,0	ADP-ribosylation factor-like 5
211929_at	2,0	601443732F1 NIH_MGC_65 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3847926 5', mRNA sequence.
212615_at	2,0	KIAA0308 protein
201795_at	2,0	Lamin B receptor
220952_s_at	2,0	Phosphoinositol 3-phosphate-binding protein-2
210963_s_at	2,0	Glycogenin 2
202974_at	2,0	Membrane protein, palmitoylated 1 (55kD)
203585_at	2,0	Zinc finger protein 185 (LIM domain)
207394_at	2,0	Zinc finger protein 137 (clone pHZ-30)
219779_at	2,0	Likely ortholog of mouse zinc finger homeodomain 4
210873_x_at	2,0	SEE ALSO
213359_at	2,0	zd77e04.s1 Soares_fetal_heart_NbBHI19W Homo sapiens cDNA clone IMAGE:346686 3' similar to PIR:A44192 A44192 hnRNP-C protein homolog - human ;, mRNA sequence.
205334_at	2,0	S100 calcium-binding protein A1
213140_s_at	2,0	Synovial sarcoma translocation gene on chromosome 18-like 1
211122_s_at	2,0	Small inducible cytokine subfamily B (Cys-X-Cys), member 11
216944_s_at	2,0	Inositol 1,4,5-triphosphate receptor, type 1
213327_s_at	2,0	wg56d12.x1 Soares_NSF_F8_9W_OT_PA_P_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2369111 3' similar to contains MIR.tl MIR repetitive element ;, mRNA sequence.
202221_s_at	2,0	AV727101 HTC Homo sapiens cDNA clone HTCBGF05 5', mRNA sequence.
202850_at	2,0	ATP-binding cassette, sub-family D (ALD), member 3
205471_s_at	2,0	hn67b07.x1 NCI_CGAP_Kid11 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3032917 3' similar to TR:O75687 O75687 DACHSHUND PROTEIN. ;, mRNA sequence.
208423_s_at	2,0	Macrophage scavenger receptor 1
210679_x_at	2,0	B-cell CLL/lymphoma 7A
214741_at	2,0	EST380271 MAGE resequences, MAGJ Homo sapiens cDNA, mRNA sequence.
209765_at	2,0	A disintegrin and metalloproteinase domain 19 (meltrin beta)
216902_s_at	2,0	Consensus includes gb:AF001549 /DEF=Human Chromosome 16 BAC clone CIT987SK-A-270G1 /FEA=mRNA_1 /DB_XREF=gi:3355302 /UG=Hs.110103 RNA polymerase I transcription factor RRN3
212867_at	2,0	oy33a12.x1 Soares_parathyroid_tumor_NbHPA Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1667614 3', mRNA sequence.
213212_x_at	2,0	ts85h05.x1 NCI_CGAP_GC6 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2238105 3', mRNA sequence.
211040_x_at	2,0	G-2 and S-phase expressed 1
222272_x_at	2,0	602407908F1 NIH_MGC_91 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4520281 5', mRNA sequence.
213882_at	1,9	ze27c03.s1 Soares retina N2b4HR Homo sapiens cDNA clone IMAGE:360196 3', mRNA sequence.
221505_at	1,9	hh05b12.x1 NCI_CGAP_Kid11 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2954207 3' similar to SW:LANP_BOVIN P51122 LEUCINE-RICH ACIDIC NUCLEAR PROTEIN ;, mRNA sequence.
212569_at	1,9	ak52e09.s1 Soares_testis_NHT Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1409608 3', mRNA sequence.
203765_at	1,9	Grancalcin, EF-hand calcium-binding protein
205374_at	1,9	Sarcophilin
214678_x_at	1,9	yg71f08.r1 Soares infant brain 1NIB Homo sapiens cDNA clone IMAGE:38659 5' similar to gb:X59739_rna1 ZINC FINGER X-CHROMOSOMAL PROTEIN (HUMAN);, mRNA sequence.
206055_s_at	1,9	Small nuclear ribonucleoprotein polypeptide A'
213085_s_at	1,9	KIAA0869 protein
210277_at	1,9	Adaptor-related protein complex 4, sigma 1 subunit
64418_at	1,9	tj87c02.x1 Soares_NSF_F8_9W_OT_PA_P_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2148482 3' similar to contains element PTR7 repetitive element ;, mRNA sequence.
215232_at	1,9	KIAA0672 gene product
210307_s_at	1,9	Hypothetical protein FLJ12587
219290_x_at	1,9	Dual adaptor of phosphotyrosine and 3-phosphoinositides
220407_s_at	1,9	Transforming growth factor, beta 2
220071_x_at	1,9	Hypothetical protein FLJ10460
204391_x_at	1,9	gb:NM_015905.1 /DEF=Homo sapiens transcriptional intermediary factor 1 (TIF1), mRNA. /FEA=mRNA /GEN=TIF1 /PROD=transcriptional intermediary factor 1 alpha /DB_XREF=gi:7706233 /UG=Hs.183858 transcriptional intermediary factor 1 /FL=gb:AF009353.1 gb:AF11904
215506_s_at	1,9	Ras homolog gene family, member I
214169_at	1,9	601279805F1 NIH_MGC_39 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3621960 5', mRNA sequence.
212766_s_at	1,9	UI-H-BI2-ahk-f-08-0-UI.s1 NCI_CGAP_Sub4 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2727302 3', mRNA sequence.
203797_at	1,9	Visinin-like 1
204552_at	1,9	EST63624 Jurkat T-cells V Homo sapiens cDNA 5' end, mRNA sequence.
205089_at	1,9	Zinc finger protein 7 (KOX 4, clone HF.16)
203359_s_at	1,9	AL525412 LTI_NFL003_NBC3 Homo sapiens cDNA clone CS0DC011Y12 5 prime, mRNA sequence.
212629_s_at	1,9	Protein kinase C-like 2
211973_at	1,9	SEE ALSO
222328_x_at	1,9	HA2346 Human fetal liver cDNA library Homo sapiens cDNA, mRNA sequence.
210176_at	1,9	Toll-like receptor 1
215359_x_at	1,9	ty94c12.x1 NCI_CGAP_Ut1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2286742 3' similar to TR:O43337 O43337 R27945_1. ;contains Alu repetitive element; , mRNA sequence.
204435_at	1,9	KIAA0410 gene product
221763_at	1,9	wd13h03.x1 NCI_CGAP_Co3 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2328053 3', mRNA sequence.

ID	cf	Gen
209784_s_at	1,9	Jagged 2
215685_s_at	1,9	601583540F1 NIH_MGC_7 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3938145 5', mRNA sequence.
213792_s_at	1,9	ab38g07.s1 Stratagene HeLa cell s3 937216 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:843132 3' similar to gb:A18658 INSULIN RECEPTOR PRECURSOR (HUMAN);, mRNA sequence.
212325_at	1,9	KIAA1102 protein
219660_s_at	1,9	ATPase, aminophospholipid transporter-like, Class I, type 8A, member 2
205381_at	1,9	37 kDa leucine-rich repeat (LRR) protein
213839_at	1,9	wv26a10.x1 NCI_CGAP_Kid11 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2530650 3', mRNA sequence.
219211_at	1,9	Ubiquitin specific protease 18
203504_s_at	1,9	ATP-binding cassette, sub-family A (ABC1), member 1
220352_x_at	1,9	gb:NM_024305.1 /DEF=Homo sapiens hypothetical protein MGC4278 (MGC4278), mRNA. /FEA=mRNA /GEN=MGC4278 /PROD=hypothetical protein MGC4278 /DB_XREF=gi:13236535 /UG=Hs.318780 hypothetical protein MGC4278 /FL=gb:BC002659.1 gb:NM_024305.1
222310_at	1,9	ns22g08.s1 NCI_CGAP_GCB1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1184414 3', mRNA sequence.
212996_s_at	1,9	Chromosome 21 open reading frame 108
212783_at	1,9	Retinoblastoma-binding protein 6
210046_s_at	1,9	Isocitrate dehydrogenase 2 (NADP+), mitochondrial
206283_s_at	1,9	T-cell acute lymphocytic leukemia 1
203231_s_at	1,9	xn20e02.x1 NCI_CGAP_Kid11 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2694266 3', mRNA sequence.
210438_x_at	1,9	Sjogren syndrome antigen A2 (60kD, ribonucleoprotein autoantigen SS-A/Ro)
201450_s_at	1,9	TIA1 cytotoxic granule-associated RNA-binding protein
206472_s_at	1,9	Transducin-like enhancer of split 3, homolog of Drosophila E(sp1)
214797_s_at	1,9	PCTAIRE protein kinase 3
202971_s_at	1,9	Dual-specificity tyrosine-(Y)-phosphorylation regulated kinase 2
204274_at	1,9	ob84g01.s1 NCI_CGAP_GCB1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1338096 3', mRNA sequence.
208794_s_at	1,9	SWI/SNF related, matrix associated, actin dependent regulator of chromatin, subfamily a, member 4
212308_at	1,9	CLIP-associating protein 2
202258_s_at	1,9	Hypothetical protein from BCRA2 region
215336_at	1,9	A kinase (PRKA) anchor protein 11
215959_at	1,9	PTPRF interacting protein, binding protein 2 (liprin beta 2)
221460_at	1,9	Olfactory receptor, family 2, subfamily C, member 1
216199_s_at	1,9	Consensus includes gb:AL109942 /DEF=Human DNA sequence from clone RP3-473J16 on chromosome 6q25.3-26 Contains 3 end of the MAP3K4 (mitogen-activated protein kinase kinase kinase 4) gene, a novel mRNA, ESTs, STSs and GSSs /FEA=mRNA /DB_XREF=gi:8894643 /UG=
219113_x_at	1,9	Retinal short-chain dehydrogenase/reductase retSDR3
211776_s_at	1,9	Erythrocyte membrane protein band 4.1-like 3
209568_s_at	1,9	RaIGDS-like gene
221107_at	1,9	Cholinergic receptor, nicotinic, alpha polypeptide 9
201408_at	1,9	qe82f01.x1 Soares_fetal_lung_NbHL19W Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1745497 3', mRNA sequence.
220368_s_at	1,9	Hypothetical protein FLJ20707
51228_at	1,9	yy38e06.s1 Soares melanocyte 2NbHM Homo sapiens cDNA clone IMAGE:273538 3', mRNA sequence.
219700_at	1,9	Tumor endothelial marker 7 precursor
210266_s_at	1,9	Tripartite motif-containing 33
221203_s_at	1,9	Hypothetical protein FLJ10201
214202_at	1,9	yx50h10.s1 Soares melanocyte 2NbHM Homo sapiens cDNA clone IMAGE:265219 3' similar to contains MER5.b3 MER5 repetitive element ;, mRNA sequence.
211887_x_at	1,9	Macrophage scavenger receptor 1
211946_s_at	1,9	KIAA1096 protein
213000_at	1,9	partial CDS; Homo sapiens genomic DNA, chromosome 21q22.2, PCR fragment from BAC clone:KB739C11, CBRI-HLCS region.
211339_s_at	1,9	IL2-inducible T-cell kinase
219239_s_at	1,9	Hypothetical protein FLJ10997
217191_x_at	1,9	cytochrome c oxidase subunit VIc; E.C. number =1.9.3.1; Homo sapiens cytochrome c oxidase subunit VIc (COX6CP1) pseudogene, complete sequence.
217125_at	1,9	Homo sapiens UBBP2 pseudogene for ubiquitin UBB.
214132_at	1,9	naf35f07.x1 Soares_NPBMC Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4143109 3', mRNA sequence.
216696_s_at	1,9	hypothetical (partial) protein similar to proline oxidase; Homo sapiens chromosome 19 cosmid F19541, complete sequence.
219738_s_at	1,8	Protocadherin 9
214430_at	1,8	Galactosidase, alpha
208594_x_at	1,8	Leukocyte immunoglobulin-like receptor, subfamily B (with TM and ITIM domains), member 6
219042_at	1,8	Leucine zipper, putative tumor suppressor 1
219634_at	1,8	Chondroitin 4-sulfotransferase
211538_s_at	1,8	Heat shock 70kD protein 2
221973_at	1,8	wz55d05.x1 NCI_CGAP_Lu27 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2561961 3' similar to SW:LAS1_HUMAN Q14847 LIM AND SH3 DOMAIN PROTEIN LASP-1 ;, mRNA sequence.
218422_s_at	1,8	Cutaneous T-cell lymphoma tumor antigen se70-2
201663_s_at	1,8	SMC4 (structural maintenance of chromosomes 4, yeast)-like 1
201448_at	1,8	TIA1 cytotoxic granule-associated RNA-binding protein
208913_at	1,8	Golgi-associated, gamma-adaptin ear containing, ARF-binding protein 2
203700_s_at	1,8	Deiodinase, iodothyronine, type II
220553_s_at	1,8	Hypothetical protein FLJ20666
219872_at	1,8	AD021 protein
205430_at	1,8	match: proteins: Tr:Q9YGH7 Sw:P22003 Sw:P22004 Sw:P20722 Tr:Q91403 Sw:P30886 Sw:P49003 Sw:Q04906 Sw:P18075 Sw:P23359; Human DNA sequence from clone RP1-181C24 on chromosome 6p11.1-12.2. Contains the 3' end of the BMP5 gene for bone morphogenetic protein 5, ESTs, STSs and GSSs, complete sequence.
211577_s_at	1,8	Insulin-like growth factor 1 (somatomedin C)

ID	cf	Gen
215175_at	1,8	KIAA0995 protein
215777_at	1,8	UI-HF-BL0-acv-a-05-0-UI.r1 NIH_MGC_37 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3060368 5', mRNA sequence.
220206_at	1,8	Hypothetical protein FLJ23151
209897_s_at	1,8	Slit (Drosophila) homolog 2
200969_at	1,8	602277844F1 NIH_MGC_86 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4365370 5', mRNA sequence.
205876_at	1,8	Leukemia inhibitory factor receptor
202963_at	1,8	wt73b04.x1 Soares_thymus_NHFT Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2513071 3' similar to SW:RFX5_HUMAN P48382 BINDING REGULATORY FACTOR. ;, mRNA sequence.
214582_at	1,8	Consensus includes gb:NM_000753.1 /DEF=Homo sapiens 2,3-cyclic nucleotide 3 phosphodiesterase (CNP), mRNA. /FEA=CDS /GEN=CNP /PROD=2,3-cyclic nucleotide 3 phosphodiesterase /DB_XREF=gi:4502924 /UG=Hs.150741 2,3-cyclic nucleotide 3 phosphodiesterase /FL=g
207730_x_at	1,8	Hypothetical protein FLJ20700
218789_s_at	1,8	Hypothetical protein
204094_s_at	1,8	KIAA0669 gene product
210480_s_at	1,8	Myosin VI
202259_s_at	1,8	Hypothetical protein from BCRA2 region
221078_s_at	1,8	Hypothetical protein FLJ10392
215529_x_at	1,8	tr75d05.x1 NCI_CGAP_Pan1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2224137 3' similar to contains Alu repetitive element;, mRNA sequence.
40020_at	1,8	seven-times-transmembrane protein containing multiple cadherin and EGF-like motifs; Homo sapiens mRNA for MEGF2, partial cds.
212310_at	1,8	KIAA0268 protein
205306_x_at	1,8	ov13a06.x1 NCI_CGAP_Kid3 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1637170 3' similar to WP:R07B7.5 CE06267 ;, mRNA sequence.
205712_at	1,8	Protein tyrosine phosphatase, receptor type, D
215588_x_at	1,8	SEE ALSO
211148_s_at	1,8	Angiopoietin 2
213464_at	1,8	AV705938 ADB Homo sapiens cDNA clone ADBAIC03 5', mRNA sequence.
217752_s_at	1,8	Hypothetical protein FLJ10830
205578_at	1,8	Receptor tyrosine kinase-like orphan receptor 2
204201_s_at	1,8	Protein tyrosine phosphatase, non-receptor type 13 (APO-1/CD95 (Fas)-associated phosphatase)
203414_at	1,8	Monocyte to macrophage differentiation-associated
221230_s_at	1,8	gb:NM_016374.2 /DEF=Homo sapiens RBP1-like protein (BCAA), mRNA. /FEA=mRNA /GEN=BCAA /PROD=RBP1-like protein /DB_XREF=gi:13518237 /FL=gb:NM_016374.2
222369_at	1,8	EST383343 MAGE resequences, MAGL Homo sapiens cDNA, mRNA sequence.
44673_at	1,8	yv43e09.s1 Soares fetal liver spleen 1NFLS Homo sapiens cDNA clone IMAGE:245512 3', mRNA sequence.
202153_s_at	1,8	Nucleoporin 62kD
222273_at	1,8	tf28d09.x1 NCI_CGAP_Brn23 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2097521 3' similar to contains Alu repetitive element;, mRNA sequence.
215758_x_at	1,8	HTF34-like ZNF gene; Homo sapiens chromosome 19, BAC 273239 (CIT-B-320G13), complete sequence.
211621_at	1,8	gb:M73069.1 /DEF=Human androgen receptor mutant gene, mRNA, complete cds. /FEA=mRNA /GEN=AR /PROD=androgen receptor /DB_XREF=gi:178655 /FL=gb:M73069.1
213631_x_at	1,8	Dihydroorotate dehydrogenase
200608_s_at	1,8	RAD21 (S. pombe) homolog
221605_s_at	1,8	L-pipecolic acid oxidase
209766_at	1,8	SEE ALSO
209685_s_at	1,8	Protein kinase C, beta 1
218917_s_at	1,8	Uncharacterized bone marrow protein BM029
219690_at	1,8	Hypothetical protein FLJ22573
205570_at	1,8	Phosphatidylinositol-4-phosphate 5-kinase, type II, alpha
215825_at	1,8	SEE ALSO
205349_at	1,8	Guanine nucleotide binding protein (G protein), alpha 15 (Gq class)
207072_at	1,8	Interleukin 18 receptor accessory protein
218428_s_at	1,8	REV1 (yeast homolog)-like
210009_s_at	1,8	Golgi SNAP receptor complex member 2
211038_s_at	1,8	Hypothetical protein MGC12760
221922_at	1,8	xn84d08.x1 Soares_NFL_T_GBC_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2701167 3' similar to TR:P81274 P81274 LGN MOSAIC PROTEIN. ;, mRNA sequence.
212522_at	1,8	601341764F1 NIH_MGC_53 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3683966 5', mRNA sequence.
206178_at	1,8	Phospholipase A2, group V
218940_at	1,8	Hypothetical protein FLJ13920
200943_at	1,8	High-mobility group (nonhistone chromosomal) protein 14
220076_at	1,8	Ankylosis, progressive (mouse) homolog
81811_at	1,8	wf89d08.x1 NCI_CGAP_Co3 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2362767 3', mRNA sequence.
209705_at	1,8	Putative DNA binding protein
202596_at	1,8	Endosulfine alpha
214369_s_at	1,8	wd41c03.x1 Soares_NFL_T_GBC_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2330692 3' similar to TR:O00538 O00538 F25B3.3 KINASE LIKE PROTEIN. ;, mRNA sequence.
210146_x_at	1,8	Leukocyte immunoglobulin-like receptor, subfamily B (with TM and ITIM domains), member 2
212640_at	1,8	AV712602 DCA Homo sapiens cDNA clone DCAACD04 5', mRNA sequence.
218344_s_at	1,8	Hypothetical protein FLJ10876
204112_s_at	1,8	Histamine N-methyltransferase
207822_at	1,8	Fibroblast growth factor receptor 1 (fms-related tyrosine kinase 2, Pfeiffer syndrome)
208938_at	1,8	Papillary renal cell carcinoma (translocation-associated)
203310_at	1,8	Syntaxin binding protein 3
204161_s_at	1,8	Ectonucleotide pyrophosphatase/phosphodiesterase 4 (putative function)
217322_x_at	1,8	Consensus includes gb:AL024509 /DEF=Human DNA sequence from clone 522P13 on chromosome 6p21.31-22.3.

ID	cf	Gen
		Contains a 60S Ribosomal Protein L21 pseudogene and an HNRNP A3 (Heterogenous Nuclear Riboprotein A3, FBRNP) pseudogene. Contains ESTs, STSs and GSSs /FEA
210111_s_at	1,8	SEE ALSO
202097_at	1,8	Nucleoporin 153kD
212970_at	1,8	7n64b08.x1 NCL_CGAP_Lu24 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3569246 3', mRNA sequence.
209169_at	1,8	Glycoprotein M6B
205608_s_at	1,8	Angiopoietin 1
218170_at	1,8	CGI-111 protein
214989_x_at	1,8	Phosphoinositol 3-phosphate-binding protein-2
204835_at	1,8	Polymerase (DNA directed), alpha
218400_at	1,8	2'-5'-oligoadenylate synthetase 3 (100 kD)
222282_at	1,7	AV761453 MDS Homo sapiens cDNA clone MDSBZA03 5', mRNA sequence.
211809_x_at	1,7	Collagen, type XIII, alpha 1
212612_at	1,7	KIAA0071 protein
218758_s_at	1,7	DNA segment on chromosome 21 (unique) 2056 expressed sequence
205601_s_at	1,7	Homeo box B5
205063_at	1,7	Survival of motor neuron protein interacting protein 1
210768_x_at	1,7	Putative membrane protein
218005_at	1,7	ny71d07.s1 NCL_CGAP_GCB1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1283725 3', mRNA sequence.
205549_at	1,7	Purkinje cell protein 4
200069_at	1,7	KIAA0156 gene product
219443_at	1,7	Hypothetical protein FLJ20212
212435_at	1,7	wu11d08.x1 NCL_CGAP_GC6 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2516655 3', mRNA sequence.
220232_at	1,7	Hypothetical protein FLJ21032
202431_s_at	1,7	V-myc avian myelocytomatosis viral oncogene homolog
203247_s_at	1,7	Zinc finger protein 24 (KOX 17)
217665_at	1,7	nc62g02.r1 NCL_CGAP_Pr1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:745874 similar to SW:RL39_RAT P02404 60S RIBOSOMAL PROTEIN L39. ;, mRNA sequence.
219178_at	1,7	Hypothetical protein FLJ12960
204859_s_at	1,7	Apoptotic protease activating factor
221646_s_at	1,7	Hypothetical protein FLJ13153
203533_s_at	1,7	Cullin 5
215338_s_at	1,7	wd40b07.x1 Soares_NFL_T_GBC_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2330581 3' similar to gb:L04288 NK-TUMOR RECOGNITION PROTEIN (HUMAN);, mRNA sequence.
212460_at	1,7	601572441T1 NIH_MGC_57 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3839147 3', mRNA sequence.
202160_at	1,7	CREB binding protein (Rubinstein-Taybi syndrome)
202610_s_at	1,7	Cofactor required for Sp1 transcriptional activation, subunit 2 (150kD)
215280_s_at	1,7	Protein tyrosine phosphatase, receptor type, f polypeptide (PTPRF), interacting protein (liprin), alpha 3
203332_s_at	1,7	Inositol polyphosphate-5-phosphatase, 145kD
220999_s_at	1,7	Hypothetical protein PRO1331
209433_s_at	1,7	tl72b10.x1 NCL_CGAP_Co14 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2152603 3' similar to gb:U00238 AMIDOPHOSPHORIBOSYLTRANSFERASE PRECURSOR (HUMAN);, mRNA sequence.
202956_at	1,7	Brefeldin A-inhibited guanine nucleotide-exchange protein 1
221865_at	1,7	602272821F1 NIH_MGC_84 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4360804 5', mRNA sequence.
215942_s_at	1,7	602241428F1 NIH_MGC_46 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4330015 5', mRNA sequence.
208029_s_at	1,7	gb:NM_018407.1 /DEF=Homo sapiens putative integral membrane transporter (LC27), mRNA. /FEA=mRNA /GEN=LC27 /PROD=putative integral membrane transporter /DB_XREF=gi:8923827 /FL=gb:NM_018407.1
209751_s_at	1,7	Spondyloepiphyseal dysplasia, late, pseudogene
212142_at	1,7	Minichromosome maintenance deficient (S. cerevisiae) 4
210524_x_at	1,7	gb:AF078844.1 /DEF=Homo sapiens hqp0376 protein mRNA, complete cds. /FEA=mRNA /PROD=hqp0376 protein /DB_XREF=gi:6683748 /UG=Hs.8765 RNA helicase-related protein /FL=gb:AF078844.1
218507_at	1,7	Hypoxia-inducible protein 2
215470_at	1,7	SEE ALSO
219797_at	1,7	Mannosyl (alpha-1,3-)-glycoprotein beta-1,4-N-acetylglucosaminyltransferase, isoenzyme A
219801_at	1,7	Hypothetical protein MGC10520
204580_at	1,7	Matrix metalloproteinase 12 (macrophage elastase)
217388_s_at	1,7	Kynureninase (L-kynurenine hydrolase)
202446_s_at	1,7	to92d05.x1 NCL_CGAP_Gas4 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2185737 3' similar to TR:O15162 O15162 PHOSPHOLIPID SCRAMBLASE. ;, mRNA sequence.
217713_x_at	1,7	zn87b11.s1 Stratagene lung carcinoma 937218 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:565149 3' similar to contains Alu repetitive element;contains element MER22 repetitive element ;, mRNA sequence.
219572_at	1,7	Hypothetical protein FLJ20761
201079_at	1,7	Synaptogyrin 2
215691_x_at	1,7	AV702994 ADB Homo sapiens cDNA clone ADBAPB06 5', mRNA sequence.
219373_at	1,7	Dolichyl-phosphate mannosyltransferase polypeptide 3
211987_at	1,7	Topoisomerase (DNA) II beta (180kD)
218681_s_at	1,7	Stromal cell-derived factor 2-like 1
212511_at	1,7	DKFZp586N0217_s1 586 (synonym: hute1) Homo sapiens cDNA clone DKFZp586N0217 3', mRNA sequence.
203689_s_at	1,7	wg85d05.x1 Soares_NSF_F8_9W_OT_PA_P_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2371881 3' similar to gb:S65791 FRAGILE X MENTAL RETARDATION 1 PROTEIN (HUMAN);, mRNA sequence.
219232_s_at	1,7	EGL nine (C.elegans) homolog 3
202222_s_at	1,7	Desmin
206710_s_at	1,7	Erythrocyte membrane protein band 4.1-like 3
205257_s_at	1,7	Amphiphysin (Stiff-Mann syndrome with breast cancer 128kD autoantigen)
214988_s_at	1,7	SON DNA binding protein
211930_at	1,7	601443732F1 NIH_MGC_65 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3847926 5', mRNA sequence.
205070_at	1,7	Inhibitor of growth family, member 3

ID	cf	Gen
203341_at	1,7	CCAAT-box-binding transcription factor
203840_at	1,7	Basic leucine zipper nuclear factor 1 (JEM-1)
206009_at	1,7	Integrin, alpha 9
205296_at	1,7	Consensus includes gb:AL365505 /DEF=Human DNA sequence from clone RP11-382A12 on chromosome 20 Contains ESTs, STSs, GSSs and CpG islands. Contains the 5 part of the gene for a 72.1 KDa protein (DKFZP564A032, SBB188) similar to mouse IFN-gamma induced MG11
212291_at	1,7	KIAA0630 protein
222252_x_at	1,7	Chromosome 1 open reading frame 6
202362_at	1,7	RAP1A, member of RAS oncogene family
209993_at	1,7	ATP-binding cassette, sub-family B (MDR/TAP), member 1
212675_s_at	1,7	KIAA0582 protein
212621_at	1,7	UI-H-BI1-aeo-f-04-0-UI.s1 NCI_CGAP_Sub3 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2720022 3', mRNA sequence.
212323_s_at	1,7	KIAA0453 protein
214948_s_at	1,7	SEE ALSO
214059_at	1,7	xw86e11.x1 NCI_CGAP_Pan1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2834924 3', mRNA sequence.
210210_at	1,7	Myelin protein zero-like 1
204613_at	1,7	Phospholipase C, gamma 2 (phosphatidylinositol-specific)
206328_at	1,7	Cadherin 15, M-cadherin (myotubule)
202337_at	1,7	Polyamine-modulated factor 1
207108_s_at	1,7	IDN3 protein
222344_at	1,7	EST384859 MAGE resequences, MAGL Homo sapiens cDNA, mRNA sequence.
215528_at	1,7	SEE ALSO
215387_x_at	1,7	SEE ALSO
200686_s_at	1,7	Splicing factor, arginine/serine-rich 11
206061_s_at	1,7	Helicase-moi
217363_x_at	1,7	Consensus includes gb:AL031313 /DEF=Human DNA sequence from clone 581F12 on chromosome Xq21. Contains Eukaryotic Translation Initiation Factor EIF3 P35 Subunit and 60S Ribosomal protein L22 pseudogenes. Contains ESTs /FEA=CDS_2 /DB_XREF=gi:4038573 /UG=Hs.
200959_at	1,7	Fusion, derived from t(12;16) malignant liposarcoma
204003_s_at	1,7	Nucleoporin-like protein 1
209695_at	1,7	Protein tyrosine phosphatase type IVA, member 3
216751_at	1,7	SEE ALSO
215722_s_at	1,7	Small nuclear ribonucleoprotein polypeptide A'
206012_at	1,6	Endometrial bleeding associated factor (left-right determination, factor A; transforming growth factor beta superfamily)
201074_at	1,6	nn16d01.s1 NCI_CGAP_Co12 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1084033 3', mRNA sequence.
207608_x_at	1,6	Cytochrome P450, subfamily I (aromatic compound-inducible), polypeptide 2
203616_at	1,6	Polymerase (DNA directed), beta
205527_s_at	1,6	Gem (nuclear organelle) associated protein 4
201713_s_at	1,6	RAN binding protein 2
203997_at	1,6	Protein tyrosine phosphatase, non-receptor type 3
219043_s_at	1,6	Hypothetical protein MGC3062
218750_at	1,6	Hypothetical protein MGC5306
204291_at	1,6	KIAA0335 gene product
204481_at	1,6	Bromodomain and PHD finger containing, 1
206066_s_at	1,6	RAD51 (S. cerevisiae) homolog C
203956_at	1,6	KIAA0852 protein
205676_at	1,6	Cytochrome P450, subfamily XXVIII (25-hydroxyvitamin D-1-alpha-hydroxylase), polypeptide 1
201038_s_at	1,6	601347428F1 NIH_MGC_8 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3688350 5', mRNA sequence.
214820_at	1,6	Transcriptional unit N143
212847_at	1,6	DKFZp564N1963.s1 564 (synonym: hfbr2) Homo sapiens cDNA clone DKFZp564N1963 3', mRNA sequence.
205295_at	1,6	Creatine kinase, mitochondrial 2 (sarcomeric)
206373_at	1,6	Zic family member 1 (odd-paired Drosophila homolog)
213534_s_at	1,6	PAS-serine/threonine kinase
218006_s_at	1,6	Zinc finger protein 22 (KOX 15)
222128_at	1,6	SEE ALSO
202708_s_at	1,6	H2B histone family, member Q
219559_at	1,6	Hypothetical protein FLJ23412
205469_s_at	1,6	Interferon regulatory factor 5
213395_at	1,6	match: proteins: Sw:Q15049; Human DNA sequence from clone RP3-355C18 on chromosome 22q13.3 Contains the KIAA0027 gene, ESTs, STSs, GSSs and seven putative CpG islands, complete sequence.
212247_at	1,6	wv68g04.x1 Soares_thymus_NHFTth Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2534742 3' similar to TR:Q92621 Q92621 MYELOBLAST KIAA0225 ;, mRNA sequence.
205507_at	1,6	Rho guanine exchange factor (GEF) 15
207181_s_at	1,6	Caspase 7, apoptosis-related cysteine protease
212579_at	1,6	ak52e09.s1 Soares_testis_NHT Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1409608 3', mRNA sequence.
212534_at	1,6	AU144066 HEMBA1 Homo sapiens cDNA clone HEMBA1000798 3', mRNA sequence.
208883_at	1,6	U69567 Soares infant brain 1NIB Homo sapiens cDNA clone c-2mell, mRNA sequence.
209866_s_at	1,6	yg62c01.s1 Soares infant brain 1NIB Homo sapiens cDNA clone IMAGE:37438 3', mRNA sequence.
205594_at	1,6	KIAA0924 protein
216110_x_at	1,6	SELECTED MODEL ORGANISM PROTEIN SIMILARITIES
213528_at	1,6	Hypothetical protein MGC9084
210346_s_at	1,6	SEE ALSO
217446_x_at	1,6	MAPPING INFORMATION
206474_at	1,6	PCTAIRE protein kinase 2
212552_at	1,6	601441509T1 NIH_MGC_65 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3845643 3', mRNA sequence.
203742_s_at	1,6	602136708F1 NIH_MGC_83 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4273393 5', mRNA sequence.

ID	cf	Gen
219819_s_at	1,6	Mitochondrial ribosomal protein S28
219904_at	1,6	Hypothetical protein MGC4161
203449_s_at	1,6	Telomeric repeat binding factor (NIMA-interacting) 1
213186_at	1,6	602550583F1 NIH_MGC_61 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4657940 5', mRNA sequence.
204278_s_at	1,6	Estrogen receptor binding site associated, antigen, 9
201584_s_at	1,6	Nuclear RNA helicase, DECD variant of DEAD box family
209523_at	1,6	TAF2 RNA polymerase II, TATA box binding protein (TBP)-associated factor, 150 kD
215985_at	1,6	HCGVIII-1 protein
218905_at	1,6	Hypothetical protein FLJ20530
202907_s_at	1,6	Nijmegen breakage syndrome 1 (nibrin)
209681_at	1,6	Solute carrier family 19 (thiamine transporter), member 2
215881_x_at	1,6	601843339F1 NIH_MGC_54 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4064072 5', mRNA sequence.
220104_at	1,6	Hypothetical protein FLB6421
214594_x_at	1,6	602366292F1 NIH_MGC_90 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4474439 5', mRNA sequence.
222288_at	1,6	ou03d10.x1 Soares_total_fetus_Nb2HF8_9w Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1625203 3' similar to contains Alu repetitive element ;contains element THR repetitive element ;, mRNA sequence.
219125_s_at	1,6	Stromal cell protein
217922_at	1,6	yx04d03.s1 Soares melanocyte 2NbHM Homo sapiens cDNA clone IMAGE:260741 3', mRNA sequence.
212395_s_at	1,6	KIAA0090 protein
206993_at	1,6	Hypothetical protein
205240_at	1,6	LGN protein
212446_s_at	1,6	SEE ALSO
201122_x_at	1,6	Eukaryotic translation initiation factor 5A
205988_at	1,6	CD84 antigen (leukocyte antigen)
213370_s_at	1,6	7k18g10.x1 NCI_CGAP_GC6 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3444691 3' similar to TR:Q9Y4Q9 Q9Y4Q9 HYPOTHETICAL 80.4 KD PROTEIN ;contains element MSR1 repetitive element ;, mRNA sequence.
212267_at	1,6	KIAA0261 protein
211189_x_at	1,6	CD84 antigen (leukocyte antigen)
212375_at	1,6	601490987F1 NIH_MGC_69 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3893204 5', mRNA sequence.
220082_at	1,6	Protein phosphatase 1, regulatory (inhibitor) subunit 14D
200058_s_at	1,6	KIAA0788 protein
212321_at	1,6	Sphingosine-1-phosphate lyase 1
215620_at	1,6	AU147182 HEMBB1 Homo sapiens cDNA clone HEMBB1002623 3', mRNA sequence.
205099_s_at	1,6	Chemokine (C-C motif) receptor 1
210187_at	1,6	FK506-binding protein 1A (12kD)
202234_s_at	1,6	Solute carrier family 16 (monocarboxylic acid transporters), member 1
219512_at	1,6	Hypothetical protein FLJ13346
208082_x_at	1,6	Makorin, ring finger protein, 4
220057_at	1,6	XAGE-1 protein
219895_at	1,6	Hypothetical protein FLJ20716
209994_s_at	1,6	ATP-binding cassette, sub-family B (MDR/TAP), member 1
201756_at	1,6	Replication protein A2 (32kD)
206560_s_at	1,6	Melanoma inhibitory activity
220975_s_at	1,6	G protein coupled receptor interacting protein, complement-c1q tumor necrosis factor-related
218696_at	1,6	Eukaryotic translation initiation factor 2-alpha kinase 3
215919_s_at	1,6	Mitochondrial ribosomal protein S11
221912_s_at	1,6	Human DNA sequence from clone RP4-622L5 on chromosome 1p34.2-36.11, complete sequence.
206316_s_at	1,6	Rough Deal (Drosophila) homolog, centromere/kinetochore protein
206626_x_at	1,6	Synovial sarcoma, X breakpoint 1
215011_at	1,6	RNA, U17D small nucleolar
206327_s_at	1,5	Cadherin 15, M-cadherin (myotubule)
203899_s_at	1,5	Calcitonin gene-related peptide-receptor component protein
203525_s_at	1,5	tc30f12.x1 Soares_total_fetus_Nb2HF8_9w Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2066159 3' similar to gb:M73548 ADENOMATOUS POLYPOSIS COLI PROTEIN (HUMAN);, mRNA sequence.
202557_at	1,5	as43b01.x1 Barstead aorta HPLRB6 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2319913 3', mRNA sequence.
202633_at	1,5	Topoisomerase (DNA) II binding protein
217614_at	1,5	tj04b04.x1 NCI_CGAP_Gas4 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2140495 3' similar to contains element MSR1 repetitive element ;, mRNA sequence.
214638_s_at	1,5	AV681875 GKB Homo sapiens cDNA clone GKBAGG10 5', mRNA sequence.
204091_at	1,5	Phosphodiesterase 6D, cGMP-specific, rod, delta
205998_x_at	1,5	Cytochrome P450, subfamily IIIA (niphedipine oxidase), polypeptide 4
219289_at	1,5	Hypothetical protein FLJ20718
212949_at	1,5	KIAA0074 protein
218577_at	1,5	Hypothetical protein FLJ20331
218852_at	1,5	Hypothetical protein FLJ20644
213237_at	1,5	Consensus includes gb:A1652058 /FEA=EST /DB_XREF=gi:4736037 /DB_XREF=est:wb27d11.x1 /CLONE=IMAGE:2306901 /UG=Hs.129061 Human Chromosome 16 BAC clone CIT987SK-A-101F10
204184_s_at	1,5	Adrenergic, beta, receptor kinase 2
208682_s_at	1,5	Melanoma antigen, family D, 2
209997_x_at	1,5	SEE ALSO
212839_s_at	1,5	Sjogren syndrome antigen A2 (60kD, ribonucleoprotein autoantigen SS-A/Ro)
202491_s_at	1,5	Inhibitor of kappa light polypeptide gene enhancer in B-cells, kinase complex-associated protein
205264_at	1,5	CD3-epsilon-associated protein; antisense to ERCC-1
201129_at	1,5	Splicing factor, arginine/serine-rich 7 (35kD)
207725_at	1,5	POU domain, class 4, transcription factor 2
214039_s_at	1,5	IB1875 Infant brain, Bento Soares Homo sapiens cDNA 3' end, mRNA sequence.

ID	cf	Gen
218576_s_at	1,5	Dual specificity phosphatase 12
218197_s_at	1,5	Oxidation resistance 1
202979_s_at	1,5	HCF-binding transcription factor Zhangfei
208672_s_at	1,5	Splicing factor, arginine/serine-rich 3
220445_s_at	1,5	Taxol resistance associated gene 3
210054_at	1,5	Hypothetical protein MGC4701
209692_at	1,5	Eyes absent (Drosophila) homolog 2
222240_s_at	1,5	Myo-inositol 1-phosphate synthase A1
213619_at	1,5	AV753392 NPD Homo sapiens cDNA clone NPDAUG03 5', mRNA sequence.
218819_at	1,5	Deleted in cancer 1; RNA helicase HDB/DICE1
204369_at	1,5	Phosphoinositide-3-kinase, catalytic, alpha polypeptide
208859_s_at	1,5	wa17f11.x1 NCI_CGAP_Kid11 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2298381 3' similar to TR:Q15886 Q15886 X-LINKED NUCLEAR PROTEIN ;, mRNA sequence.
204314_s_at	1,5	CAMP responsive element binding protein 1
207369_at	1,5	Consensus includes gb:Z97632 /DEF=Human DNA sequence from PAC 196E23 on chromosome Xq26.1-27.2. Contains the TAT-SF1 (HIV-1 transcriptional elongation factor TAT cofactor TAT-SF1) gene, the BRS3 (Bombesin Receptor subtype-3 (Uterine Bombesin Receptor, BRS
205651_x_at	1,5	CAMP-regulated guanine nucleotide exchange factor II
215245_x_at	1,5	oc57a09.s1 NCI_CGAP_GCB1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1353784 3' similar to gb:S65791 FRAGILE X MENTAL RETARDATION 1 PROTEIN (HUMAN);, mRNA sequence.
203062_s_at	1,5	KIAA0170 gene product
201035_s_at	1,5	L-3-hydroxyacyl-Coenzyme A dehydrogenase, short chain
218834_s_at	1,5	Hypothetical protein FLJ20539
203132_at	1,5	Retinoblastoma 1 (including osteosarcoma)
219342_at	1,5	Hypothetical protein FLJ21213
208661_s_at	1,5	Tetratricopeptide repeat domain 3
218588_s_at	1,5	Chromosome 5 open reading frame 3
218047_at	1,5	Hypothetical protein FLJ12492
215606_s_at	1,5	ELKS protein
204318_s_at	1,5	G-2 and S-phase expressed 1
201963_at	1,5	Fatty-acid-Coenzyme A ligase, long-chain 2
202159_at	1,5	Phenylalanine-tRNA synthetase-like
212539_at	1,5	tf57h09.x1 NCI_CGAP_Brn23 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2103425 3' similar to TR:O22154 O22154 T13E15.1 PROTEIN ;, mRNA sequence.
210779_x_at	1,5	Survival of motor neuron protein interacting protein 1
218478_s_at	1,5	Hypothetical protein DKFZp434E2220
214113_s_at	1,5	wi32d06.x1 NCI_CGAP_Co16 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2391947 3', mRNA sequence.
220576_at	1,5	Hypothetical protein FLJ12377

ID: Affymetrix-Identität. cf: change fold.

Tabelle 52: Genliste Muster 2 (n=2.059; 4.1.3.2).

ID	cf	Gen
209395_at	123,9	Chitinase 3-like 1 (cartilage glycoprotein-39)
209396_s_at	87,0	Chitinase 3-like 1 (cartilage glycoprotein-39)
205792_at	65,4	WNT1 inducible signaling pathway protein 2
203851_at	37,6	Insulin-like growth factor binding protein 6
218468_s_at	31,8	Cysteine knot superfamily 1, BMP antagonist 1
204948_s_at	27,2	Follistatin
212143_s_at	23,3	Insulin-like growth factor binding protein 3
206157_at	22,6	Pentaxin-related gene, rapidly induced by IL-1 beta
201107_s_at	21,6	tw46c12.x1 NCI_CGAP_Ut1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2262742 3' similar to gb:X04665_cds1 THROMBOSPONDIN 1 PRECURSOR (HUMAN);, mRNA sequence.
209355_s_at	20,3	Phosphatidic acid phosphatase type 2B
203963_at	20,0	Carbonic anhydrase XII
202949_s_at	19,4	Four and a half LIM domains 2
204508_s_at	18,2	Hypothetical protein FLJ20151
202912_at	18,0	Adrenomedullin
209687_at	17,6	Stromal cell-derived factor 1
205475_at	16,6	Scrapie responsive protein 1
206172_at	16,0	Interleukin 13 receptor, alpha 2
201108_s_at	15,2	tw46c12.x1 NCI_CGAP_Ut1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2262742 3' similar to gb:X04665_cds1 THROMBOSPONDIN 1 PRECURSOR (HUMAN);, mRNA sequence.
213112_s_at	14,2	yw77b03.s1 Soares_placenta_8to9weeks_2NbHP8to9W Homo sapiens cDNA clone IMAGE:258221 3', mRNA sequence.
203939_at	13,4	5' nucleotidase (CD73)
212226_s_at	12,9	AL576654 LTL_NFL006_PL2 Homo sapiens cDNA clone CS0DI080YN02 3 prime, mRNA sequence.
201109_s_at	12,7	tw46c12.x1 NCI_CGAP_Ut1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2262742 3' similar to gb:X04665_cds1 THROMBOSPONDIN 1 PRECURSOR (HUMAN);, mRNA sequence.
212344_at	12,6	wy80e01.x1 Soares_NSF_F8_9W_OT_PA_P_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2554872 3', mRNA sequence.
214767_s_at	12,3	AL551046 LTL_NFL006_PL2 Homo sapiens cDNA clone CS0DI066YN13 5 prime, mRNA sequence.
205397_x_at	12,2	MAD (mothers against decapentaplegic, Drosophila) homolog 3

ID	cf	Gen
212230_at	12,1	AL576654 LTI_NFL006_PL2 Homo sapiens cDNA clone CS0DI080YN02 3 prime, mRNA sequence.
202275_at	12,0	Glucose-6-phosphate dehydrogenase
208502_s_at	11,7	Paired-like homeodomain transcription factor 1
221111_at	11,4	Interleukin 26
202434_s_at	11,3	Cytochrome P450, subfamily I (dioxin-inducible), polypeptide 1 (glaucoma 3, primary infantile)
202436_s_at	11,3	Cytochrome P450, subfamily I (dioxin-inducible), polypeptide 1 (glaucoma 3, primary infantile)
212992_at	11,2	wp13h09.x1 NCL_CGAP_Kid12 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2464769 3', mRNA sequence.
204037_at	11,0	xs47d05.x1 NCL_CGAP_Kid11 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2772777 3', mRNA sequence.
207345_at	10,9	Follistatin
202765_s_at	10,5	qi20h04.x1 Soares_NhHMPu_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1857079 3' similar to gb:L13923 FIBRILLIN 1 PRECURSOR (HUMAN);, mRNA sequence.
204036_at	10,4	xs47d05.x1 NCL_CGAP_Kid11 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2772777 3', mRNA sequence.
205924_at	10,3	RAB3B, member RAS oncogene family
202888_s_at	9,3	Alanyl (membrane) aminopeptidase (aminopeptidase N, aminopeptidase M, microsomal aminopeptidase, CD13, p150)
202997_s_at	9,2	601116312F1 NIH_MGC_16 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3356954 5', mRNA sequence.
209351_at	9,1	Keratin 14 (epidermolysis bullosa simplex, Dowling-Meara, Koebner)
210702_s_at	9,0	Prostaglandin I2 (prostacyclin) synthase
40472_at	8,9	Homo sapiens clone 23763 unknown mRNA, partial cds.
204421_s_at	8,9	Fibroblast growth factor 2 (basic)
202435_s_at	8,9	Cytochrome P450, subfamily I (dioxin-inducible), polypeptide 1 (glaucoma 3, primary infantile)
211062_s_at	8,9	Carboxypeptidase Z
212354_at	8,8	wy80e01.x1 Soares_NSF_F8_9W_OT_PA_P_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2554872 3', mRNA sequence.
203868_s_at	8,4	Vascular cell adhesion molecule 1
205207_at	8,3	Interleukin 6 (interferon, beta 2)
205782_at	8,3	Fibroblast growth factor 7 (keratinocyte growth factor)
212353_at	8,3	wy80e01.x1 Soares_NSF_F8_9W_OT_PA_P_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2554872 3', mRNA sequence.
210372_s_at	8,3	Tumor protein D52-like 1
221796_at	8,1	zj32g01.s1 Soares_fetal_liver_spleen_1NFLS_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:452016 3', mRNA sequence.
213661_at	8,1	wb14d04.x1 NCL_CGAP_GC6 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2305639 3', mRNA sequence.
205145_s_at	8,0	Myosin, light polypeptide 5, regulatory
208850_s_at	8,0	AL558479 LTI_NFL008_TC2 Homo sapiens cDNA clone CS0DJ006YK21 5 prime, mRNA sequence.
203925_at	7,9	Glutamate-cysteine ligase, modifier subunit
202437_s_at	7,9	Cytochrome P450, subfamily I (dioxin-inducible), polypeptide 1 (glaucoma 3, primary infantile)
211959_at	7,7	SEE ALSO
206614_at	7,4	Growth differentiation factor 5 (cartilage-derived morphogenetic protein-1)
203438_at	7,4	th79e05.x1 Soares_NhHMPu_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2124896 3', mRNA sequence.
211958_at	7,4	SEE ALSO
209955_s_at	7,4	Fibroblast activation protein, alpha
211864_s_at	7,2	Fer-1 (C.elegans)-like 3 (myoferlin)
205083_at	7,2	Aldehyde oxidase 1
209921_at	7,2	Solute carrier family 7, (cationic amino acid transporter, y+ system) member 11
220014_at	7,1	Mesenchymal stem cell protein DSC54
204338_s_at	7,1	Regulator of G-protein signalling 4
210138_at	7,1	Regulator of G-protein signalling 20
203786_s_at	7,0	Tumor protein D52-like 1
212190_at	7,0	AL541302 LTI_FL002_PL1 Homo sapiens cDNA clone CS0DE006YI10 5 prime, mRNA sequence.
203683_s_at	6,9	Vascular endothelial growth factor B
209278_s_at	6,9	Tissue factor pathway inhibitor 2
214701_s_at	6,9	Fibronectin 1
202424_at	6,8	Mitogen-activated protein kinase kinase 2
213568_at	6,8	tw38a08.x1 NCL_CGAP_Ut1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2261942 3' similar to TR:Q24219 Q24219 BOWEL. ;, mRNA sequence.
213880_at	6,8	AL524520 LTI_NFL003_NBC3 Homo sapiens cDNA clone CS0DC007YG21 3 prime, mRNA sequence.
213488_at	6,8	DKFZP586B2420 protein
219959_at	6,7	Molybdenum cofactor sulfurase
219949_at	6,7	Leucine-rich repeat-containing 2
213493_at	6,7	DKFZP586B2420 protein
217889_s_at	6,7	Duodenal cytochrome b
216331_at	6,7	Integrin, alpha 7
210517_s_at	6,6	A kinase (PRKA) anchor protein (gravin) 12
207510_at	6,6	Bradykinin receptor B1
216230_x_at	6,6	Human acid sphingomyelinase (ASM) gene, exons a, and alternative a (3' end), b and c (5' end).
201110_s_at	6,5	Thrombospondin 1
203886_s_at	6,5	Fibulin 2
213942_at	6,5	DKFZP547K034_r1 547 (synonym: hfbr1) Homo sapiens cDNA clone DKFZP547K034 5', mRNA sequence.
220189_s_at	6,5	Mannosyl (alpha-1,3-)-glycoprotein beta-1,4-N-acetylglucosaminyltransferase, isoenzyme B
202998_s_at	6,5	Lysyl oxidase-like 2
210794_s_at	6,4	Maternally expressed 3
204337_at	6,3	AL514445 LTI_NFL006_PL2 Homo sapiens cDNA clone CL0BB010ZF08 3 prime, mRNA sequence.
214587_at	6,3	601486365F1 NIH_MGC_69 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3888665 5', mRNA sequence.
219654_at	6,3	Protein tyrosine phosphatase-like (proline instead of catalytic arginine), member a
203425_s_at	6,3	Insulin-like growth factor binding protein 5
213640_s_at	6,2	7a18b11.x1 NCL_CGAP_GC6 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3219069 3' similar to gb:S78694 PROTEIN-LYSINE 6-OXIDASE PRECURSOR (HUMAN);, mRNA sequence.
205715_at	6,2	Bone marrow stromal cell antigen 1
202284_s_at	6,2	Cyclin-dependent kinase inhibitor 1A (p21, Cip1)

ID	cf	Gen
221276_s_at	6,1	Intermediate filament protein syncoilin
214321_at	6,1	nac52c12.x1 NCI_CGAP_Brn23 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3406079 3', mRNA sequence.
219637_at	6,1	Hypothetical protein FLJ12584
204038_s_at	6,0	Endothelial differentiation, lysophosphatidic acid G-protein-coupled receptor, 2
AFFX-HUMISGF3A/M97935_5_at	6,0	Homo sapiens transcription factor ISGF-3 mRNA, complete cds.
212554_at	6,0	Adenylyl cyclase-associated protein 2
206025_s_at	5,9	xj93f03.x1 Soares_NFL_T_GBC_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2664797 3' similar to SW:TSG6_HUMAN P98066 TUMOR NECROSIS FACTOR-INDUCIBLE PROTEIN TSG-6 PRECURSOR ;, mRNA sequence.
211892_s_at	5,7	Prostaglandin I2 (prostacyclin) synthase
203813_s_at	5,7	Slit (Drosophila) homolog 3
204222_s_at	5,7	Glioma pathogenesis-related protein
215223_s_at	5,7	zc32c08.s1 Soares_senescent_fibroblasts_NbHSF Homo sapiens cDNA clone IMAGE:324014 3' similar to gb:X07834 SUPEROXIDE DISMUTASE PRECURSOR (HUMAN);, mRNA sequence.
205870_at	5,7	Bradykinin receptor B2
203695_s_at	5,6	Deafness, autosomal dominant 5
211300_s_at	5,6	Tumor protein p53 (Li-Fraumeni syndrome)
206116_s_at	5,6	Tropomyosin 1 (alpha)
206201_s_at	5,5	Mesenchyme homeo box 2 (growth arrest-specific homeo box)
205925_s_at	5,5	RAB3B, member RAS oncogene family
203665_at	5,5	Heme oxygenase (decycling) 1
208699_x_at	5,5	602125377F1 NIH_MGC_56 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4282458 5', mRNA sequence.
202087_s_at	5,4	Cathepsin L
204456_s_at	5,4	hg86h08.x1 NCI_CGAP_Kid11 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2952543 3' similar to SW:GAS1_HUMAN P54826 GROWTH-ARREST-SPECIFIC PROTEIN 1 ;, mRNA sequence.
201798_s_at	5,4	Fer-1 (C.elegans)-like 3 (myoferlin)
205082_s_at	5,4	Aldehyde oxidase 1
211478_s_at	5,3	Dipeptidylpeptidase IV (CD26, adenosine deaminase complexing protein 2)
202805_s_at	5,3	ATP-binding cassette, sub-family C (CFTR/MRP), member 1
214454_at	5,3	A disintegrin-like and metalloprotease (repolysin type) with thrombospondin type 1 motif, 2
203788_s_at	5,3	wt24e04.x1 NCI_CGAP_Ut1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2508414 3' similar to TR:Q62181 Q62181 SEMAPHORIN E PRECURSOR ;, mRNA sequence.
200983_x_at	5,3	CD59 antigen p18-20 (antigen identified by monoclonal antibodies 16.3A5, EJ16, EJ30, EL32 and G344)
202766_s_at	5,2	Fibrillin 1 (Marfan syndrome)
209894_at	5,2	Leptin receptor
205059_s_at	5,2	Iduronidase, alpha-L-
213274_s_at	5,1	601487244F1 NIH_MGC_69 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3889595 5', mRNA sequence.
200770_s_at	5,1	Laminin, gamma 1 (formerly LAMB2)
208851_s_at	5,1	Thy-1 cell surface antigen
209885_at	5,1	Ras homolog gene family, member
218631_at	5,1	Hypothetical protein PP5395
203409_at	5,1	Damage-specific DNA binding protein 2 (48kD)
204610_s_at	5,0	Hepatitis delta antigen-interacting protein A
201752_s_at	5,0	wi06f09.x1 NCI_CGAP_CLL1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2389481 3' similar to TR:O43243 O43243 ADDUCIN-LIKE PROTEIN ;, mRNA sequence.
210457_x_at	5,0	High-mobility group (nonhistone chromosomal) protein isoforms I and Y
214270_s_at	5,0	wi90f07.x1 NCI_CGAP_Brn25 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2432197 3' similar to TR:Q61167 Q61167 APC-BINDING PROTEIN EB2 ;, mRNA sequence.
219270_at	5,0	Hypothetical protein MGC4504
219855_at	5,0	Hypothetical protein FLJ10628
203439_s_at	5,0	Stanniocalcin 2
219636_s_at	4,9	Hypothetical protein FLJ12584
209522_s_at	4,9	Carnitine acetyltransferase
211355_x_at	4,9	Leptin receptor
218086_at	4,8	Neural proliferation, differentiation and control, 1
206814_at	4,8	Nerve growth factor, beta polypeptide
213869_x_at	4,8	zr01g01.s1 Stratagene NT2 neuronal precursor 937230 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:650256 3', mRNA sequence.
204284_at	4,8	yx88f04.s1 Soares melanocyte 2NbHM Homo sapiens cDNA clone IMAGE:268831 3', mRNA sequence.
218145_at	4,7	Protein kinase domains containing protein similar to phosphoprotein C8FW
204257_at	4,7	Fatty acid desaturase 3
207388_s_at	4,7	Prostaglandin E synthase
217892_s_at	4,7	Epithelial protein lost in neoplasm beta
201279_s_at	4,7	Disabled (Drosophila) homolog 2 (mitogen-responsive phosphoprotein)
201627_s_at	4,7	Insulin induced gene 1
201251_at	4,7	Pyruvate kinase, muscle
209946_at	4,6	Vascular endothelial growth factor C
214605_x_at	4,6	DKFZp586L0417_r1 586 (synonym: hute1) Homo sapiens cDNA clone DKFZp586L0417 5', mRNA sequence.
201668_x_at	4,6	au92d06.y1 Schneider fetal brain 00004 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2783723 5' similar to gb:D10522 Human mRNA for 80K-L protein, complete cds. (HUMAN);contains element TAR1 repetitive element ;, mRNA sequence.
205882_x_at	4,6	wk60e04.x1 NCI_CGAP_Pan1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2419806 3' similar to TR:O43243 O43243 ADDUCIN-LIKE PROTEIN ;, mRNA sequence.
214121_x_at	4,6	zn60b06.s1 Stratagene muscle 937209 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:562547 3', mRNA sequence.
219201_s_at	4,6	Twisted gastrulation
202203_s_at	4,6	Autocrine motility factor receptor
214196_s_at	4,6	no90a08.s1 NCI_CGAP_AA1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1114070 3', mRNA sequence.

ID	cf	Gen
204944_at	4,6	Protein tyrosine phosphatase, receptor type, G
201995_at	4,6	Exostoses (multiple) 1
AFFX-HUMISGF3A/M97935_MA_at	4,5	Homo sapiens transcription factor ISGF-3 mRNA, complete cds.
201625_s_at	4,5	ba69f11.x1 NIH_MGC_20 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2905677 3' similar to SW:CL6_RAT Q08755 INSULIN-INDUCED GROWTH RESPONSE PROTEIN CL-6 ;, mRNA sequence.
202458_at	4,5	Protease, serine, 23
206511_s_at	4,4	Sine oculis homeobox (Drosophila) homolog 2
210589_s_at	4,4	SEE ALSO
221795_at	4,4	zj32g01.s1 Soares_fetal_liver_spleen_1NFLS_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:452016 3', mRNA sequence.
218164_at	4,4	Hypothetical protein FLJ21347
222379_at	4,4	an20d12.s1 Gessler Wilms tumor Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1699223 3', mRNA sequence.
214535_s_at	4,3	A disintegrin-like and metalloprotease (repolysin type) with thrombospondin type 1 motif, 2
221804_s_at	4,3	Uncharacterized hypothalamus protein HT011
210317_s_at	4,3	Tyrosine 3-monooxygenase/tryptophan 5-monooxygenase activation protein, epsilon polypeptide
216841_s_at	4,3	Superoxide dismutase 2, mitochondrial
210612_s_at	4,3	Synaptojanin 2
209264_s_at	4,3	Transmembrane 4 superfamily member 7
206673_at	4,3	Putative G protein coupled receptor
204149_s_at	4,3	Glutathione S-transferase M4
213290_at	4,3	AL531750 LTI_NFL001_NBC4 Homo sapiens cDNA clone CS0DM003YO13 3 prime, mRNA sequence.
206298_at	4,3	Hypothetical protein from clones 23549 and 23762
205729_at	4,3	Oncostatin M receptor
202465_at	4,3	Procollagen C-endopeptidase enhancer
201167_x_at	4,2	Rho GDP dissociation inhibitor (GDI) alpha
201559_s_at	4,2	Chloride intracellular channel 4
205738_s_at	4,2	Fatty acid binding protein 3, muscle and heart (mammary-derived growth inhibitor)
201195_s_at	4,2	Solute carrier family 7 (cationic amino acid transporter, y+ system), member 5
212013_at	4,2	Melanoma associated gene
203426_s_at	4,2	Insulin-like growth factor binding protein 5
AFFX-HUMISGF3A/M97935_MB_at	4,2	Homo sapiens transcription factor ISGF-3 mRNA, complete cds.
212551_at	4,2	Adenylyl cyclase-associated protein 2
207895_at	4,2	N-acetylated alpha-linked acidic dipeptidase-like; ILEAL DIPEPTIDYLPEPTIDASE
217788_s_at	4,1	UDP-N-acetyl-alpha-D-galactosamine:polypeptide N-acetylgalactosaminyltransferase 2 (GalNAc-T2)
201462_at	4,1	KIAA0193 gene product
204083_s_at	4,1	Tropomyosin 2 (beta)
203477_at	4,1	Collagen, type XV, alpha 1
220016_at	4,1	Hypothetical protein MGC5395
210987_x_at	4,1	Tropomyosin 1 (alpha)
207813_s_at	4,1	Ferredoxin reductase
203370_s_at	4,1	Enigma (LIM domain protein)
219103_at	4,1	Hypothetical protein FLJ20199
206580_s_at	4,1	EGF-containing fibulin-like extracellular matrix protein 2
211356_x_at	4,1	Leptin receptor
217678_at	4,1	ab38f03.s1 Stratagene HeLa cell s3 937216 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:843101 3' similar to contains Alu repetitive element;; mRNA sequence.
203498_at	4,1	Down syndrome critical region gene 1-like 1
216604_s_at	4,1	Solute carrier family 7 (cationic amino acid transporter, y+ system), member 8
209663_s_at	4,1	Integrin, alpha 7
219104_at	4,1	C3HC4-like zinc finger protein
213490_s_at	4,0	wi04d12.x1 NCI_CGAP_CLL1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2389271 3' similar to gb:L11285 DUAL SPECIFICITY MITOGEN-ACTIVATED PROTEIN KINASE KINASE 2 (HUMAN);, mRNA sequence.
205398_s_at	4,0	MAD (mothers against decapentaplegic, Drosophila) homolog 3
203404_at	4,0	Armadillo repeat protein ALEX2
203456_at	4,0	JM4 protein
222156_x_at	4,0	SEE ALSO
213438_at	4,0	ou93g10.s1 NCI_CGAP_Kid3 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1635426 3', mRNA sequence.
205302_at	4,0	Insulin-like growth factor binding protein 1
218388_at	4,0	6-phosphogluconolactonase
209294_x_at	4,0	Tumor necrosis factor receptor superfamily, member 10b
220187_at	4,0	Likely ortholog of mouse tumor necrosis-alpha-induced adipose-related protein
210202_s_at	4,0	Bridging integrator 1
201278_at	4,0	yx41e12.s1 Soares melanocyte 2NbHM Homo sapiens cDNA clone IMAGE:264334 3', mRNA sequence.
208693_s_at	3,9	Glycyl-tRNA synthetase
218606_at	3,9	Hypothetical protein FLJ20279
212614_at	3,9	602409278F1 NIH_MGC_91 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4538275 5', mRNA sequence.
216264_s_at	3,9	Laminin, beta 2 (laminin 5)
206510_at	3,9	Sine oculis homeobox (Drosophila) homolog 2
203717_at	3,9	Dipeptidylpeptidase IV (CD26, adenosine deaminase complexing protein 2)
203550_s_at	3,9	Chromosome 1 open reading frame 2
213010_at	3,9	qb14f06.x1 Soares_pregnant_uterus_NbHPU Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1696259 3' similar to gb:X06409 RAF PROTO-ONCOGENE SERINE/THREONINE-PROTEIN KINASE (HUMAN);contains PTR5.t3 TAR1 repetitive element ;,

ID	cf	Gen
		mRNA sequence.
200661_at	3,9	Protective protein for beta-galactosidase (galactosialidosis)
201961_s_at	3,8	AL583171 LTI_NFL010_BC2 Homo sapiens cDNA clone CS0DL009YA21 3 prime, mRNA sequence.
201616_s_at	3,8	AL577531 LTI_NFL006_PL2 Homo sapiens cDNA clone CS0DI087YP20 3 prime, mRNA sequence.
202679_at	3,8	Niemann-Pick disease, type C1
205379_at	3,8	Carbonyl reductase 3
65585_at	3,8	ng41h06.s1 NCI_CGAP_Co3 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:937403 3', mRNA sequence.
209587_at	3,8	Paired-like homeodomain transcription factor 1
218450_at	3,8	Heme binding protein 1
201670_s_at	3,8	Myristoylated alanine-rich protein kinase C substrate (MARCKS, 80K-L)
203308_x_at	3,8	qe49f04.x1 Soares_fetal_lung_NbHL19W Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1742335 3' similar to TR:O15402 O15402 HERMANSKY-PUDLAK SYNDROME PROTEIN. ;, mRNA sequence.
214266_s_at	3,8	UI-H-B11-afq-g-11-0-UI.s1 NCI_CGAP_Sub3 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2722772 3', mRNA sequence.
202755_s_at	3,8	qt76c12.x1 NCI_CGAP_Eso2 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1961206 3' similar to gb:X54232_rna1 GLYPICAN PRECURSOR (HUMAN);, mRNA sequence.
202122_s_at	3,8	Cargo selection protein (mannose 6 phosphate receptor binding protein)
210757_x_at	3,8	Disabled (Drosophila) homolog 2 (mitogen-responsive phosphoprotein)
214446_at	3,8	ELL-RELATED RNA POLYMERASE II, ELONGATION FACTOR
203245_s_at	3,8	Homologous to yeast nitrogen permease (candidate tumor suppressor)
200755_s_at	3,8	nad87h04.x1 NCI_CGAP_Pr28 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3410551 3', mRNA sequence.
208711_s_at	3,8	Cyclin D1 (PRAD1: parathyroid adenomatosis 1)
203151_at	3,8	UI-H-BW0-ajb-d-08-0-UI.s1 NCI_CGAP_Sub6 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2731071 3', mRNA sequence.
213895_at	3,8	nad20g10.x1 NCI_CGAP_Lu24 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3366330 3', mRNA sequence.
220955_x_at	3,7	RAB23, member RAS oncogene family
217904_s_at	3,7	Beta-site APP-cleaving enzyme
209647_s_at	3,7	hi11g04.x1 NCI_CGAP_GU1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2972022 3', mRNA sequence.
221843_s_at	3,7	zr35c05.s1 Soares_NhHMPu_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:665384 3', mRNA sequence.
206117_at	3,7	Tropomyosin 1 (alpha)
206665_s_at	3,7	BCL2-like 1
201746_at	3,7	Tumor protein p53 (Li-Fraumeni syndrome)
218218_at	3,7	Hypothetical protein FLJ10659
208782_at	3,7	Follistatin-like 1
201280_s_at	3,7	Disabled (Drosophila) homolog 2 (mitogen-responsive phosphoprotein)
203343_at	3,7	UDP-glucose dehydrogenase
205696_s_at	3,7	GDNF family receptor alpha 1
206382_s_at	3,7	Brain-derived neurotrophic factor
201666_at	3,7	Tissue inhibitor of metalloproteinase 1 (erythroid potentiating activity, collagenase inhibitor)
203889_at	3,7	Secretory granule, neuroendocrine protein 1 (7B2 protein)
221029_s_at	3,7	Wingless-type MMTV integration site family, member 5B
201034_at	3,6	601076920F1 NIH_MGC_12 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3462940 5', mRNA sequence.
204457_s_at	3,6	Growth arrest-specific 1
208916_at	3,6	Solute carrier family 1 (neutral amino acid transporter), member 5
205824_at	3,6	Heat shock 27kD protein 2
211354_s_at	3,6	Leptin receptor
212816_s_at	3,6	601452166T1 NIH_MGC_66 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3855712 3', mRNA sequence.
204550_x_at	3,6	Glutathione S-transferase M1
210935_s_at	3,6	SEE ALSO
200758_s_at	3,6	qy12a07.x1 NCI_CGAP_Brn23 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2011764 3', mRNA sequence.
201626_at	3,6	ba69f11.x1 NIH_MGC_20 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2905677 3' similar to SW:CL6_RAT Q08755 INSULIN-INDUCED GROWTH RESPONSE PROTEIN CL-6 ;, mRNA sequence.
211272_s_at	3,6	Diacylglycerol kinase, alpha (80kD)
201828_x_at	3,6	CAAX box 1
212390_at	3,6	Phosphodiesterase 4D interacting protein (myomegalin)
214889_at	3,6	DKFZP564J102 protein
218628_at	3,6	CGI-116 protein
201028_s_at	3,6	Antigen identified by monoclonal antibodies 12E7, F21 and O13
205832_at	3,6	Carboxypeptidase A4
200950_at	3,6	Actin related protein 2/3 complex, subunit 1A (41 kD)
208074_s_at	3,6	Adaptor-related protein complex 2, sigma 1 subunit
216253_s_at	3,6	za09a05.s1 Soares melanocyte 2NbHM Homo sapiens cDNA clone IMAGE:292016 3' similar to gb:M32315 TUMOR NECROSIS FACTOR RECEPTOR 2 PRECURSOR (HUMAN);contains MER19.t2 MER19 repetitive element ;, mRNA sequence.
202391_at	3,5	Brain abundant, membrane attached signal protein 1
203042_at	3,5	Lysosomal-associated membrane protein 2
221214_s_at	3,5	DKFZP586J1624 protein
203367_at	3,5	MKP-1 like protein tyrosine phosphatase
219051_x_at	3,5	Hypothetical protein MGC2601
203258_at	3,5	DRI-associated protein 1 (negative cofactor 2 alpha)
206662_at	3,5	Glutaredoxin (thioltransferase)
212593_s_at	3,5	zb28a04.s1 Soares_parathyroid_tumor_NbHPA Homo sapiens cDNA clone IMAGE:304878 3', mRNA sequence.
221584_s_at	3,5	Potassium large conductance calcium-activated channel, subfamily M, alpha member 1
209129_at	3,5	Thyroid hormone receptor interactor 6
217025_s_at	3,5	Drebrin 1
208712_at	3,5	Cyclin D1 (PRAD1: parathyroid adenomatosis 1)
217354_s_at	3,5	Consensus includes gb:AL022313 /DEF=Human DNA sequence from clone RP5-1119A7 on chromosome 22q12.2-12.3 Contains the TXN2 gene for mitochondrial thioredoxin, a novel gene, the EIF357 gene for eukaryotic translation initiation

ID	cf	Gen
		factor 3 subunit 7 (zeta, 666)
203254_s_at	3,5	Talin 1
201825_s_at	3,5	AI572542 LTI_NFL006_PL2 Homo sapiens cDNA clone CS0DI008YC09 3 prime, mRNA sequence.
201722_s_at	3,5	UDP-N-acetyl-alpha-D-galactosamine:polypeptide N-acetylglactosaminyltransferase 1 (GalNAc-T1)
203803_at	3,5	yz17b09.s1 Soares_multiple_sclerosis_2NbHMSP Homo sapiens cDNA clone IMAGE:283289 3' similar to contains Alu repetitive element ;contains element TAR1 repetitive element ;, mRNA sequence.
210986_s_at	3,4	Tropomyosin 1 (alpha)
209928_s_at	3,4	Musculin (activated B-cell factor-1)
204051_s_at	3,4	xd05c09.x1 NCI_CGAP_Brn35 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2592880 3', mRNA sequence.
217914_at	3,4	Two-pore channel 1, homolog
205448_s_at	3,4	Mitogen-activated protein kinase kinase kinase 12
218368_s_at	3,4	Type I transmembrane protein Fn14
218509_at	3,4	Hypothetical protein FLJ13055
205481_at	3,4	Adenosine A1 receptor
212336_at	3,4	Erythrocyte membrane protein band 4.1-like 1
214436_at	3,4	F-box and leucine-rich repeat protein 2
200787_s_at	3,4	Phosphoprotein enriched in astrocytes 15
203041_s_at	3,4	Lysosomal-associated membrane protein 2
201469_s_at	3,4	wf64c03.x1 Soares_NFL_T_GBC_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2360356 3' similar to gb:X68148_cds1 SHC TRANSFORMING PROTEINS 46.8 KD AND 51.7 KD (HUMAN);, mRNA sequence.
209716_at	3,4	Colony stimulating factor 1 (macrophage)
202369_s_at	3,4	TRAM-like protein
205973_at	3,4	Fasciculation and elongation protein zeta 1 (zyglin I)
201765_s_at	3,4	AI523158 LTI_NFL003_NBC3 Homo sapiens cDNA clone CS0DC001YM06 3 prime, mRNA sequence.
209191_at	3,4	Tubulin beta-5
217795_s_at	3,4	zd76g10.s1 Soares_fetal_heart_NbHH19W Homo sapiens cDNA clone IMAGE:346626 3', mRNA sequence.
216017_s_at	3,4	Homo sapiens mader gene, partial.
57715_at	3,4	zd68f10.s1 Soares_fetal_heart_NbHH19W Homo sapiens cDNA clone IMAGE:345835 3' similar to contains Alu repetitive element;, mRNA sequence.
209869_at	3,4	Adrenergic, alpha-2A-, receptor
202587_s_at	3,4	Adenylate kinase 1
202175_at	3,4	Hypothetical protein FLJ22678
202564_x_at	3,4	ADP-ribosylation factor-like 2
201337_s_at	3,4	Vesicle-associated membrane protein 3 (cellubrevin)
209276_s_at	3,4	Glutaredoxin (thioltransferase)
215836_s_at	3,4	SEE ALSO
201753_s_at	3,3	Adducin 3 (gamma)
211043_s_at	3,3	Clathrin, light polypeptide (Lcb)
201463_s_at	3,3	Transaldolase 1
31846_at	3,3	ws16b04.x1 NCI_CGAP_Kid11 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2497327 3' similar to SW:RHOD_HUMAN O00212 RHO-RELATED GTP-BINDING PROTEIN RHOD ;, mRNA sequence.
209905_at	3,3	qk40f08.x1 NCI_CGAP_Co8 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1871463 3', mRNA sequence.
211358_s_at	3,3	Cip1-interacting zinc finger protein
201790_s_at	3,3	xg42f09.x1 NCI_CGAP_Ut1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2630249 3' similar to TR:O60717 O60717 7-DEHYDROCHOLESTEROL REDUCTASE ;, mRNA sequence.
205808_at	3,3	Aspartate beta-hydroxylase
201681_s_at	3,3	Discs, large (Drosophila) homolog 5
204529_s_at	3,3	wt15c09.x1 NCI_CGAP_Ut1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2507536 3', mRNA sequence.
202686_s_at	3,3	AXL receptor tyrosine kinase
218494_s_at	3,3	GLUT4 enhancer factor
203031_s_at	3,3	Uroporphyrinogen III synthase (congenital erythropoietic porphyria)
202316_x_at	3,3	zn74b08.x1 Soares_NFL_T_GBC_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2700183 3' similar to TR:O95338 O95338 HYPOTHETICAL 21.5 KD PROTEIN. [1] ;, mRNA sequence.
209610_s_at	3,3	602037236F1 NCI_CGAP_Brn64 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4185248 5', mRNA sequence.
201389_at	3,3	Integrin, alpha 5 (fibronectin receptor, alpha polypeptide)
203676_at	3,3	Glucosamine (N-acetyl)-6-sulfatase (Sanfilippo disease IIID)
212419_at	3,3	SEE ALSO
219961_s_at	3,3	Uncharacterized hypothalamus protein HT013
205542_at	3,3	Six transmembrane epithelial antigen of the prostate
204881_s_at	3,3	UDP-glucose ceramide glucosyltransferase
201118_at	3,3	Phosphogluconate dehydrogenase
202804_at	3,2	tp77b05.x1 NCI_CGAP_Ut3 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2205297 3' similar to gb:X78338 MULTIDRUG RESISTANCE-ASSOCIATED PROTEIN (HUMAN);, mRNA sequence.
209287_s_at	3,2	Cdc42 effector protein 3
215537_x_at	3,2	Consensus includes gb:AJ012008 /DEF=Homo sapiens genes encoding RNCC protein, DDAH protein, Ly6-C protein, Ly6-D protein and immunoglobulin receptor /FEA=mRNA_4 /DB_XREF=gi:5304874 /UG=Hs.247362 dimethylarginine dimethylaminohydrolase 2
214651_s_at	3,2	Homeo box A9
202368_s_at	3,2	wz65f07.x1 NCI_CGAP_Mel15 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2562949 3', mRNA sequence.
214564_s_at	3,2	Protocadherin gamma subfamily C, 3
205234_at	3,2	Solute carrier family 16 (monocarboxylic acid transporters), member 4
203005_at	3,2	Lymphotoxin beta receptor (TNFR superfamily, member 3)
203289_s_at	3,2	601585959F1 NIH_MGC_7 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3940215 5', mRNA sequence.
213823_at	3,2	yu57a03.s1 Soares fetal liver spleen 1NFLS Homo sapiens cDNA clone IMAGE:230188 3', mRNA sequence.
201554_x_at	3,2	Glycogenin
200935_at	3,2	Calreticulin
221959_at	3,2	SEE ALSO

ID	cf	Gen
202847_at	3,2	Phosphoenolpyruvate carboxykinase 2 (mitochondrial)
216295_s_at	3,2	SEE ALSO
208055_s_at	3,2	DKFZP564G092 protein
200991_s_at	3,2	Sorting nexin 17
209721_s_at	3,2	DKFZP586I2223 protein
202096_s_at	3,2	Benzodiazepine receptor (peripheral)
201106_at	3,2	Glutathione peroxidase 4 (phospholipid hydroperoxidase)
217270_s_at	3,2	Consensus includes gb:AC005393 /DEF=Homo sapiens chromosome 19, CIT-HSP BAC 470n8 /FEA=CDS_1 /DB_XREF=gi:3399665 /UG=Hs.249140 Homo sapiens chromosome 19, CIT-HSP BAC 470n8
204310_s_at	3,2	Natriuretic peptide receptor B/ guanylate cyclase B (atrionatriuretic peptide receptor B)
218581_at	3,2	Hypothetical protein FLJ12816
210311_at	3,2	Fibroblast growth factor 5
204189_at	3,2	Retinoic acid receptor, gamma
208847_s_at	3,2	Alcohol dehydrogenase 5 (class III), chi polypeptide
219628_at	3,2	P53 target zinc finger protein
218634_at	3,2	Pleckstrin homology-like domain, family A, member 3
205005_s_at	3,2	UI-H-BI2-ahq-d-03-0-UI.s1 NCI_CGAP_Sub4 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2727604 3', mRNA sequence.
200932_s_at	3,2	Dynactin 2 (p50)
214085_x_at	3,2	we11d05.x1 NCI_CGAP_Lu24 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2340777 3', mRNA sequence.
203158_s_at	3,2	Glutaminase
208848_at	3,2	Alcohol dehydrogenase 5 (class III), chi polypeptide
205652_s_at	3,2	Tubulin tyrosine ligase-like 1
215333_x_at	3,2	Glutathione S-transferase M1
209516_at	3,2	Retinoic acid induced 15
216689_x_at	3,2	Rho GTPase activating protein 1
203002_at	3,1	Leman coiled-coil protein
214066_x_at	3,1	nj23e10.s1 NCI_CGAP_AA1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:993354 3' similar to gb:L13436 ATRIAL NATRIURETIC PEPTIDE RECEPTOR B PRECURSOR (HUMAN);, mRNA sequence.
214434_at	3,1	KIAA0417 gene product
201723_s_at	3,1	UDP-N-acetyl-alpha-D-galactosamine:polypeptide N-acetylglucosaminyltransferase 1 (GalNAc-T1)
218010_x_at	3,1	Hypothetical protein MGC2479
211730_s_at	3,1	Polymerase (RNA) II (DNA directed) polypeptide L (7.6kD)
208677_s_at	3,1	AL550657 LTI_NFL006_PL2 Homo sapiens cDNA clone CS0DI058YI15 5 prime, mRNA sequence.
218847_at	3,1	IGF-II mRNA-binding protein 2
212811_x_at	3,1	602301908F1 NIH_MGC_87 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4403569 5', mRNA sequence.
203131_at	3,1	Platelet-derived growth factor receptor, alpha polypeptide
205893_at	3,1	Neurologin 1
200887_s_at	3,1	Signal transducer and activator of transcription 1, 91kD
212573_at	3,1	AL573201 LTI_NFL006_PL2 Homo sapiens cDNA clone CS0DI043YM01 3 prime, mRNA sequence.
202218_s_at	3,1	Fatty acid desaturase 2
214449_s_at	3,1	Ras-like protein
214875_x_at	3,1	wt81a04.x1 Soares_thymus_NHFT Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2513838 3' similar to gb:S60099 AMYLOID-LIKE PROTEIN 2 PRECURSOR (HUMAN);, mRNA sequence.
204042_at	3,1	WAS protein family, member 3
211833_s_at	3,1	BCL2-associated X protein
210405_x_at	3,1	Tumor necrosis factor receptor superfamily, member 10b
214212_x_at	3,1	wo95g11.x1 NCI_CGAP_Kid11 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2463140 3' similar to TR:Q14840 Q14840 MITOGEN INDUCIBLE GENE MIG-2 ;, mRNA sequence.
214151_s_at	3,1	AU144243 HEMBA1 Homo sapiens cDNA clone HEMBA1001328 3', mRNA sequence.
201654_s_at	3,1	wu36a08.x1 Soares_Dieckgraefe_colon_NHCD Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2522102 3' similar to SW:PGBM_HUMAN_P98160 BASEMENT MEMBRANE-SPECIFIC HEPARAN SULFATE PROTEOGLYCAN CORE PROTEIN PRECURSOR ;, mRNA sequence.
203686_at	3,1	N-methylpurine-DNA glycosylase
213422_s_at	3,1	MXRA8 Human matrix tissue expression library Homo sapiens cDNA clone Incyte 3948614 similar to MXRA8 Matrix remodeling associated gene 8, mRNA sequence.
204443_at	3,1	
202206_at	3,1	ADP-ribosylation factor-like 7
213617_s_at	3,1	7h90a05.x1 NCI_CGAP_Co16 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3323216 3' similar to TR:Q9Y435 Q9Y435 HYPOTHETICAL 30.0 KD PROTEIN ;, mRNA sequence.
212012_at	3,1	Melanoma associated gene
202866_at	3,1	DnaJ (Hsp40) homolog, subfamily B, member 12
203706_s_at	3,0	Frizzled (Drosophila) homolog 7
219664_s_at	3,0	2,4-dienoyl CoA reductase 2, peroxisomal
201315_x_at	3,0	Interferon induced transmembrane protein 2 (1-8D)
204360_s_at	3,0	N-acetylglucosaminidase, alpha- (Sanfilippo disease IIIB)
201576_s_at	3,0	Galactosidase, beta 1
208963_x_at	3,0	601066683F1 NIH_MGC_10 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3452925 5', mRNA sequence.
213313_at	3,0	wm89a07.x1 NCI_CGAP_Ut2 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2443092 3', mRNA sequence.
91703_at	3,0	z128g08.r1 Soares_pregnant_uterus_NbHPU Homo sapiens cDNA clone IMAGE:503294 5', mRNA sequence.
213802_at	3,0	tu04d02.x1 NCI_CGAP_Pr28 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2250051 3', mRNA sequence.
212776_s_at	3,0	wr57d03.x1 NCI_CGAP_Ut1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2491781 3' similar to TR:O75147 O75147 KIAA0657 PROTEIN ;, mRNA sequence.
218387_s_at	3,0	6-phosphogluconolactonase
212907_at	3,0	wr39d10.x1 NCI_CGAP_Pr28 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2490067 3', mRNA sequence.
208478_s_at	3,0	BCL2-associated X protein
207876_s_at	3,0	Filamin C, gamma (actin-binding protein-280)
209307_at	3,0	SWAP-70 protein

ID	cf	Gen
213476_x_at	3,0	AL565749 LTI_FL013_FBrn1 Homo sapiens cDNA clone CS0DF007YJ03 3 prime, mRNA sequence.
219953_s_at	3,0	Chromosome 11 open reading frame 17
221881_s_at	3,0	tt31g07.x1 NCI_CGAP_GC6 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2242428 3' similar to SW:CICP_BOVIN P35526 CHLORINE CHANNEL PROTEIN P64. ;, mRNA sequence.
210968_s_at	3,0	Reticulon 4
220092_s_at	3,0	Tumor endothelial marker 8
202226_s_at	3,0	V-crk avian sarcoma virus CT10 oncogene homolog
201455_s_at	3,0	Aminopeptidase puromycin sensitive
208702_x_at	3,0	Amyloid beta (A4) precursor-like protein 2
202982_s_at	3,0	Peroxisomal long-chain acyl-coA thioesterase
201954_at	3,0	Actin related protein 2/3 complex, subunit 1B (41 kD)
213587_s_at	3,0	wl85g03.x1 NCI_CGAP_Brn25 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2431732 3' similar to gb:X69392 60S RIBOSOMAL PROTEIN L26 (HUMAN);, mRNA sequence.
219488_at	3,0	Globotriaosylceramide/CD77 synthase; Gb3/CD77 synthase; alpha1,4-galactosyltransferase; 4-N-acetylglucosaminyltransferase
204981_at	3,0	Solute carrier family 22 (organic cation transporter), member 1-like
212370_x_at	2,9	KIAA0592 protein
218854_at	2,9	Squamous cell carcinoma antigen recognized by T cell
204332_s_at	2,9	Aspartylglucosaminidase
214946_x_at	2,9	AV728658 HTC Homo sapiens cDNA clone HTCALE08 5', mRNA sequence.
211404_s_at	2,9	Amyloid beta (A4) precursor-like protein 2
212290_at	2,9	UI-H-BI3-alu-d-09-0-UI.s1 NCI_CGAP_Sub5 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3068608 3', mRNA sequence.
204418_x_at	2,9	Glutathione S-transferase M2 (muscle)
200742_s_at	2,9	na34b12.x1 Soares_NPBMC Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4142926 3', mRNA sequence.
220765_s_at	2,9	Hypothetical protein FLJ10044
221754_s_at	2,9	qx90b09.x1 NCI_CGAP_GC6 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2009753 3' similar to SW:CORO_BOVIN Q92176 CORONIN-LIKE PROTEIN P57. ;, mRNA sequence.
205717_x_at	2,9	Protocadherin gamma subfamily C, 3
212055_at	2,9	602184834T1 NIH_MGC_43 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4299201 3', mRNA sequence.
210975_x_at	2,9	FAST kinase
37965_at	2,9	zp66g11.s1 Stratagene endothelial cell 937223 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:625220 3', mRNA sequence.
200055_at	2,9	TAF10 RNA polymerase II, TATA box binding protein (TBP)-associated factor, 30 kD
218025_s_at	2,9	Peroxisomal D3,D2-enoyl-CoA isomerase
208617_s_at	2,9	Protein tyrosine phosphatase type IVA, member 2
209253_at	2,9	Vinexin beta (SH3-containing adaptor molecule-1)
206129_s_at	2,9	Arylsulfatase B
218194_at	2,9	Small fragment nuclease
202756_s_at	2,9	Glypican 1
203502_at	2,9	2,3-bisphosphoglycerate mutase
209286_at	2,9	cr25a08.x1 Jia bone marrow stroma Homo sapiens cDNA clone HBMSC_cr25a08 3', mRNA sequence.
218476_at	2,9	Protein-O-mannosyltransferase 1
219500_at	2,9	Cardiotrophin-like cytokine; neurotrophin-1/B-cell stimulating factor-3
208858_s_at	2,9	KIAA0747 protein
215421_at	2,9	zv41a09.x5 Soares ovary tumor NbHOT Homo sapiens cDNA clone IMAGE:756184 3', mRNA sequence.
220357_s_at	2,9	Serum/ glucocorticoid regulated kinase 2
202444_s_at	2,9	Similar to Caenorhabditis elegans protein C42C1.9
209079_x_at	2,9	Protocadherin gamma subfamily A, 1
202609_at	2,9	Epidermal growth factor receptor pathway substrate 8
212775_at	2,9	wr57d03.x1 NCI_CGAP_Ut1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2491781 3' similar to TR:O75147 O75147 KIAA0657 PROTEIN ;, mRNA sequence.
204028_s_at	2,9	Rab6 GTPase activating protein (GAP and centrosome-associated)
201216_at	2,9	Chromosome 12 open reading frame 8
203385_at	2,9	Diacylglycerol kinase, alpha (80kD)
200757_s_at	2,9	Calumenin
201324_at	2,9	Epithelial membrane protein 1
204774_at	2,9	Ecotropic viral integration site 2A
205273_s_at	2,9	KIAA1104 protein
216064_s_at	2,9	22h11 Human retina cDNA randomly primed sublibrary Homo sapiens cDNA, mRNA sequence.
202223_at	2,9	Integral membrane protein 1
203198_at	2,8	Cyclin-dependent kinase 9 (CDC2-related kinase)
207303_at	2,8	Phosphodiesterase 1C, calmodulin-dependent (70kD)
39729_at	2,8	Cluster Incl. L19185:Human natural killer cell enhancing factor (NKEFB) mRNA, complete cds /cds=(124,720) /gb=L19185 /gi=440307 /ug=Hs.146354 /len=980
218084_x_at	2,8	FXYD domain-containing ion transport regulator 5
205172_x_at	2,8	Clathrin, light polypeptide (Lcb)
202201_at	2,8	Biliverdin reductase B (flavin reductase (NADPH))
211047_x_at	2,8	Adaptor-related protein complex 2, sigma 1 subunit
208816_x_at	2,8	Annexin A2 pseudogene 2
212155_at	2,8	zk71f11.s1 Soares_pregnant_uterus_NbHPU Homo sapiens cDNA clone IMAGE:488301 3', mRNA sequence.
203544_s_at	2,8	Signal transducing adaptor molecule (SH3 domain and ITAM motif) 1
213832_at	2,8	nj07a02.s1 NCI_CGAP_Pr22 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:985610 3', mRNA sequence.
207463_x_at	2,8	Protease, serine, 3 (trypsin 3)
206414_s_at	2,8	Development and differentiation enhancing factor 2
201022_s_at	2,8	Destrin (actin depolymerizing factor)
212121_at	2,8	DKFZP564D116 protein
205120_s_at	2,8	Sarcoglycan, beta (43kD dystrophin-associated glycoprotein)

ID	cf	Gen
221767_x_at	2,8	Hypothetical protein PRO2900
205825_at	2,8	Proprotein convertase subtilisin/kexin type 1
212932_at	2,8	RAB3 GTPase-ACTIVATING PROTEIN
33494_at	2,8	This sequence comes from Fig. 2; ETF-QO; electron transfer flavoprotein-ubiquinone oxidoreductase [human, fetal liver, mRNA, 2124 nt].
201628_s_at	2,8	Ras-related GTP-binding protein
222093_s_at	2,8	7q28a07.x1 NCL_CGAP_GC6 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3699373 3' similar to contains PTR5.t2 TAR1 repetitive element ;, mRNA sequence.
216565_x_at	2,8	dJ781L3.1 (similar to IFITM3 (interferon induced transmembrane protein 3 (1-8U))) match: proteins: Sw:Q01628 Sw:Q01629 Tr:Q9R175 Tr:Q9R176 Sw:Q91499 Sw:P26376 Tr:O88728 Sw:P13164; Human DNA sequence from clone RP4-781L3 on chromosome 1p34.3-36.11 Contains a pseudogene similar to IFITM3 (interferon induced transmembrane protein 3 (1-8U)), STSs and GSSs, complete sequence.
208615_s_at	2,8	602256433F1 NIH_MGC_85 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4339496 5', mRNA sequence.
212948_at	2,8	KIAA0909 protein
202139_at	2,8	Aldo-keto reductase family 7, member A2 (aflatoxin aldehyde reductase)
208255_s_at	2,8	FK506-binding protein 8 (38kD)
208786_s_at	2,8	Microtubule-associated proteins 1A/1B light chain 3
209653_at	2,8	Karyopherin alpha 4 (importin alpha 3)
218484_at	2,8	NADH:ubiquinone oxidoreductase MLRQ subunit homolog
209009_at	2,8	Esterase D/formylglutathione hydrolase
200769_s_at	2,8	Methionine adenosyltransferase II, alpha
218802_at	2,8	Hypothetical protein FLJ20647
214179_s_at	2,8	yv07g07.s1 Soares fetal liver spleen 1NFLS Homo sapiens cDNA clone IMAGE:242076 3', mRNA sequence.
211952_at	2,8	Karyopherin (importin) beta 3
211668_s_at	2,8	Plasminogen activator, urokinase
214919_s_at	2,8	yf50c09.s1 Soares infant brain 1NIB Homo sapiens cDNA clone IMAGE:25528 3', mRNA sequence.
217188_s_at	2,7	Consensus includes gb:AC007182 /DEF=untitled /FEA=CDS_3 /DB_XREF=gi:5708446 /UG=Hs.15106 chromosome 14 open reading frame 1
217930_s_at	2,7	Toll-interacting protein
201284_s_at	2,7	N-acylaminoacyl-peptide hydrolase
214755_at	2,7	SEE ALSO
211031_s_at	2,7	Cytoplasmic linker 2
220198_s_at	2,7	Eukaryotic translation initiation factor 5A2
204333_s_at	2,7	Aspartylglucosaminidase
216308_x_at	2,7	Glyoxylate reductase/hydroxypyruvate reductase
209209_s_at	2,7	hd29e09.x1 Soares_NFL_T_GBC_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2910952 3' similar to TR:Q14840 Q14840 MITOGEN INDUCIBLE GENE MIG-2 ;, mRNA sequence.
209896_s_at	2,7	Hypothetical protein MGC14433
219400_at	2,7	Contactin associated protein 1
214703_s_at	2,7	EST366177 MAGE resequences, MAGC Homo sapiens cDNA, mRNA sequence.
206290_s_at	2,7	Regulator of G-protein signalling 7
210260_s_at	2,7	TNF-induced protein
203827_at	2,7	Hypothetical protein FLJ10055
207667_s_at	2,7	Mitogen-activated protein kinase kinase 3
209216_at	2,7	JM5 protein
211275_s_at	2,7	Glycogenin
212295_s_at	2,7	UI-H-Bf3-alu-d-09-0-UI.s1 NCL_CGAP_Sub5 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3068608 3', mRNA sequence.
208817_at	2,7	Catechol-O-methyltransferase
209093_s_at	2,7	Glucosidase, beta; acid (includes glucosylceramidase)
56197_at	2,7	tr30e11.x1 NCL_CGAP_Ov23 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2219852 3', mRNA sequence.
209321_s_at	2,7	Adenylate cyclase 3
218651_s_at	2,7	Hypothetical protein FLJ11196
38069_at	2,7	H.sapiens mRNA for CLC-7 chloride channel protein.
214720_x_at	2,7	602305961F1 NIH_MGC_88 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4397295 5', mRNA sequence.
200643_at	2,7	High density lipoprotein binding protein (vigilin)
218253_s_at	2,7	Ligatin
209531_at	2,7	Glutathione transferase zeta 1 (maleylacetoacetate isomerase)
222116_s_at	2,7	Hypothetical protein
207535_s_at	2,7	Nuclear factor of kappa light polypeptide gene enhancer in B-cells 2 (p49/p100)
210285_x_at	2,7	Wilms' tumour 1-associating protein
204227_s_at	2,7	Thymidine kinase 2, mitochondrial
36030_at	2,7	weak similarity to filament proteins; Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp586I2223 (from clone DKFZp586I2223); partial cds.
212423_at	2,7	SEE ALSO
216988_s_at	2,7	Homo sapiens (clone hh18) protein tyrosine phosphatase (ptp-IV1r) gene, 5' end of cds.
204276_at	2,7	601437912F1 NIH_MGC_72 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3922971 5', mRNA sequence.
218903_s_at	2,7	Hypothetical protein MGC2731
221882_s_at	2,7	tz93b07.x1 NCL_CGAP_Kid11 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2296117 3' similar to TR:O75539 O75539 HYPOTHETICAL 63.6 KD PROTEIN ;, mRNA sequence.
220261_s_at	2,7	Hypothetical protein FLJ10479
201749_at	2,7	602271616F1 NIH_MGC_84 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4359794 5', mRNA sequence.
207643_s_at	2,7	Tumor necrosis factor receptor superfamily, member 1A
202656_s_at	2,7	602277568F1 NIH_MGC_86 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4365352 5', mRNA sequence.
206757_at	2,7	Phosphodiesterase 5A, cGMP-specific
204854_at	2,7	Hypothetical protein B
203417_at	2,7	Microfibrillar-associated protein 2
207357_s_at	2,7	Putative UDP-GalNAc:polypeptide N-acetylgalactosaminyltransferase T9

ID	cf	Gen
202185_at	2,7	Procollagen-lysine, 2-oxoglutarate 5-dioxygenase 3
204381_at	2,7	Low density lipoprotein receptor-related protein 3
213078_x_at	2,7	wn05e06.x1 NCI_CGAP_Ut1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2444578 3', mRNA sequence.
202381_at	2,7	A disintegrin and metalloproteinase domain 9 (meltrin gamma)
213358_at	2,7	KIAA0802 protein
220937_s_at	2,6	NeuAc-alpha-2,3-Gal-beta-1,3-GalNAc-alpha-2, 6-sialyltransferase alpha2,6-sialyltransferase
203173_s_at	2,6	xe49g08.x1 NCI_CGAP_Ut3 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2611262 3' similar to TR:O43329 O43329 HYPOTHETICAL 23.8 KD PROTEIN. ;, mRNA sequence.
202657_s_at	2,6	Transcriptional regulator interacting with the PHS-bromodomain 2
217118_s_at	2,6	KIAA0930 protein
205006_s_at	2,6	N-myristoyltransferase 2
213977_s_at	2,6	zk68f07.s1 Soares_pregnant_uterus_NbHPU Homo sapiens cDNA clone IMAGE:488005 3' similar to SW:MAT3_HUMAN P43243 MATRIN 3 ;, mRNA sequence.
208127_s_at	2,6	KIAA0671 gene product
214844_s_at	2,6	DKFZP566A0946 protein
209018_s_at	2,6	nac55d04.x1 NCI_CGAP_Brn23 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3406494 3' similar to TR:Q9W3X4 Q9W3X4 CG4523 PROTEIN. ;contains Alu repetitive element;;, mRNA sequence.
208965_s_at	2,6	602370865F1 NIH_MGC_92 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4478872 5', mRNA sequence.
215617_at	2,6	AU145711 HEMBA1 Homo sapiens cDNA clone HEMBA1005588 3', mRNA sequence.
211509_s_at	2,6	Reticulon 4
211370_s_at	2,6	Mitogen-activated protein kinase kinase 5
218910_at	2,6	Hypothetical protein FLJ10375
220201_at	2,6	Olfactory receptor, family 1, subfamily K, member 1
218041_x_at	2,6	Hypothetical protein PRO1068
204454_at	2,6	Leucine zipper, down-regulated in cancer 1
AFFX-HUMISGF3 A/M97935_3_at	2,6	Homo sapiens transcription factor ISGF-3 mRNA, complete cds.
205330_at	2,6	Meningioma (disrupted in balanced translocation) 1
221934_s_at	2,6	nac74d09.x1 NCI_CGAP_Brn23 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3439937 3' similar to TR:Q9VXT0 Q9VXT0 CG8097 PROTEIN. ;, mRNA sequence.
202392_s_at	2,6	Phosphatidylserine decarboxylase
205196_s_at	2,6	Adaptor-related protein complex 1, sigma 1 subunit
212658_at	2,6	yy70f02.s1 Soares_multiple_sclerosis_2NbHMSP Homo sapiens cDNA clone IMAGE:278907 3', mRNA sequence.
213013_at	2,6	Mitogen-activated protein kinase 8 interacting protein 1
200885_at	2,6	Ras homolog gene family, member C
209228_x_at	2,6	Putative prostate cancer tumor suppressor
221012_s_at	2,6	Ring finger protein 27
201853_s_at	2,6	Cell division cycle 25B
209860_s_at	2,6	Annexin A7
217969_at	2,6	Chromosome 11 open reading frame2
214830_at	2,6	tp04g11.x1 NCI_CGAP_Gas4 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2186852 3' similar to TR:Q99624 Q99624 TRANSPORTER PROTEIN. ;, mRNA sequence.
216607_s_at	2,6	Human lanosterol 14-alpha demethylase (CYP51P2) processed pseudogene, complete cds.
209423_s_at	2,6	SELECTED MODEL ORGANISM PROTEIN SIMILARITIES
203072_at	2,6	Myosin IE
202395_at	2,6	N-ethylmaleimide-sensitive factor
211066_x_at	2,6	Protocadherin gamma subfamily C, 3
200618_at	2,6	LIM and SH3 protein 1
200760_s_at	2,6	zb12h11.s1 Soares_fetal_lung_NbHL19W Homo sapiens cDNA clone IMAGE:301893 3', mRNA sequence.
209679_s_at	2,6	Hypothetical protein from clone 643
209803_s_at	2,6	Tumor suppressing subtransferable candidate 3
215236_s_at	2,6	AV721177 HTB Homo sapiens cDNA clone HTBAKF08 5', mRNA sequence.
204340_at	2,6	Chromosome X open reading frame 12
220387_s_at	2,6	HERV-H LTR-associating 3
202695_s_at	2,6	Serine/threonine kinase 17a (apoptosis-inducing)
212203_x_at	2,6	602036012F1 NCI_CGAP_Brn64 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4184090 5', mRNA sequence.
202704_at	2,6	b03503s Testis 5 Homo sapiens cDNA clone b03503 3' end, mRNA sequence.
202262_x_at	2,6	Dimethylarginine dimethylaminohydrolase 2
215984_s_at	2,6	
214909_s_at	2,6	Dimethylarginine dimethylaminohydrolase 2
201560_at	2,6	Chloride intracellular channel 4
213577_at	2,6	np60h03.s1 NCI_CGAP_Br2 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1130741 3', mRNA sequence.
214073_at	2,6	602491364F1 NIH_MGC_20 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4620519 5', mRNA sequence.
212983_at	2,6	V-Ha-ras Harvey rat sarcoma viral oncogene homolog
213332_at	2,6	Astrotactin
212968_at	2,6	7o43e03.x1 NCI_CGAP_Kid11 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3577036 3', mRNA sequence.
31837_at	2,6	hypothetical protein 384D8_2; choline kinase isolog 384D8_3; carnitine palmitoyltransferase isolog 384D8_4; hypothetical protein 384D8_6; hypothetical protein 384D8_7; Homo sapiens chromosome 22q13 BAC clone CIT987SK-384D8 complete sequence.
212875_s_at	2,6	Consensus includes gb:AP001745 /DEF=Homo sapiens genomic DNA, chromosome 21q, section 89105 /FEA=mRNA_3 /DB_XREF=gi:7768737 /UG=Hs.16007 chromosome 21 open reading frame 25
220041_at	2,6	Hypothetical protein FLJ12768
210930_s_at	2,6	V-erb-b2 avian erythroblastic leukemia viral oncogene homolog 2 (neuro/glioblastoma derived oncogene homolog)
213423_x_at	2,6	w185f06.x1 NCI_CGAP_Brn25 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2431715 3' similar to TR:Q14911 Q14911 N33 PROTEIN FORM 1. [2] TR:Q14912 ;, mRNA sequence.

ID	cf	Gen
219257_s_at	2,6	Sphingosine kinase 1
215037_s_at	2,6	Human Bcl-x beta (bcl-x) gene, complete cds.
205353_s_at	2,6	Prostatic binding protein
212530_at	2,6	SEE ALSO
214702_at	2,6	Fibronectin 1
202632_at	2,6	Diphtheria toxin resistance protein required for diphthamide biosynthesis (Saccharomyces)-like 1
201383_s_at	2,6	DKFZp434P2128_s1 434 (synonym: htes3) Homo sapiens cDNA clone DKFZp434P2128 3', mRNA sequence.
220757_s_at	2,5	UBX domain-containing 1
209215_at	2,5	Tetracycline transporter-like protein
207076_s_at	2,5	Argininosuccinate synthetase
219680_at	2,5	Hypothetical protein FLJ21478
204357_s_at	2,5	LIM domain kinase 1
200035_at	2,5	Hypothetical protein
212805_at	2,5	KIAA0367 protein
212123_at	2,5	DKFZP564D116 protein
214444_s_at	2,5	Poliovirus receptor
218088_s_at	2,5	Rag C protein
218722_s_at	2,5	Hypothetical protein FLJ12436
201003_x_at	2,5	Ubiquitin-conjugating enzyme E2 variant 1
204864_s_at	2,5	Interleukin 6 signal transducer (gp130, oncostatin M receptor)
213421_x_at	2,5	wt54d10.x1 NCI_CGAP_Pan1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2511283 3' similar to gb:X72781 TRYPSINOGEN IVA PRECURSOR (HUMAN);, mRNA sequence.
212494_at	2,5	KIAA1075 protein
209485_s_at	2,5	zb38d10.r1 Soares_parathyroid_tumor_NbHPA Homo sapiens cDNA clone IMAGE:305875 5' similar to SW:OSH1_YEAST P35845 OSH1 PROTEIN. [1] ;, mRNA sequence.
221864_at	2,5	xp94g06.x1 Soares_NHCe_cervix Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2748058 3', mRNA sequence.
201617_x_at	2,5	Caldesmon 1
206584_at	2,5	MD-2 protein
201605_x_at	2,5	Calponin 2
48106_at	2,5	ym63e09.r1 Soares adult brain N2b4HB55Y Homo sapiens cDNA clone IMAGE:163624 5', mRNA sequence.
212196_at	2,5	SEE ALSO
202432_at	2,5	Protein phosphatase 3 (formerly 2B), catalytic subunit, beta isoform (calcineurin A beta)
216092_s_at	2,5	Solute carrier family 7 (cationic amino acid transporter, y+ system), member 8
200906_s_at	2,5	Palladin
202814_s_at	2,5	xm17b10.x1 NCI_CGAP_Ut4 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2684443 3' similar to TR:O94992 O94992 HIS1 PROTEIN. ;, mRNA sequence.
39835_at	2,5	similar to myotubularin but catalytically inactive; Homo sapiens nuclear dual-specificity phosphatase (SBF1) mRNA, partial cds.
201347_x_at	2,5	Glyoxylate reductase/hydroxypyruvate reductase
207071_s_at	2,5	Aconitase 1, soluble
201826_s_at	2,5	CGI-49 protein
210879_s_at	2,5	KIAA0857 protein
201981_at	2,5	zl06d06.s1 Soares_pregnant_uterus_NbHPU Homo sapiens cDNA clone IMAGE:491531 3', mRNA sequence.
201470_at	2,5	Glutathione-S-transferase like; glutathione transferase omega
219137_s_at	2,5	GL004 protein
213887_s_at	2,5	tn30e02.x1 NCI_CGAP_Brn25 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2169146 3' similar to gb:J04965 DNA-DIRECTED RNA POLYMERASE II 23 KD POLYPEPTIDE (HUMAN);, mRNA sequence.
201599_at	2,5	Ornithine aminotransferase (gyrate atrophy)
205772_s_at	2,5	A kinase (PRKA) anchor protein 7
202497_x_at	2,5	Solute carrier family 2 (facilitated glucose transporter), member 3
202731_at	2,5	Programmed cell death 4 (neoplastic transformation inhibitor)
209627_s_at	2,5	Oxysterol binding protein-like 3
210201_x_at	2,5	Bridging integrator 1
200634_at	2,5	Profilin 1
217820_s_at	2,5	Likely ortholog of mouse NPC derived proline rich protein 1
222126_at	2,5	qh56e02.x1 Soares_fetal_liver_spleen_1NFLS_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1848698 3', mRNA sequence.
218045_x_at	2,5	Parathymosin
202808_at	2,5	Hypothetical protein FLJ20154
204050_s_at	2,5	Clathrin, light polypeptide (Lca)
201168_x_at	2,5	Rho GDP dissociation inhibitor (GDI) alpha
216873_s_at	2,5	ATPase, Class I, type 8B, member 2
205452_at	2,5	Phosphatidylinositol glycan, class B
45714_at	2,5	zv72b02.r1 Soares_total_fetus_Nb2HF8_9w Homo sapiens cDNA clone IMAGE:759147 5', mRNA sequence.
220924_s_at	2,5	Amino acid transporter 2
204688_at	2,5	Sarcoglycan, epsilon
214531_s_at	2,5	Sorting nexin 1
221562_s_at	2,5	Sirtuin (silent mating type information regulation 2, S.cerevisiae, homolog) 3
219346_at	2,5	Hypothetical protein MGC2656
221542_s_at	2,5	yd48d02.s1 Soares_fetal_liver_spleen_1NFLS Homo sapiens cDNA clone IMAGE:111459 3', mRNA sequence.
211004_s_at	2,5	Aldehyde dehydrogenase 3 family, member B1
201669_s_at	2,5	gb:NM_002356.4 /DEF=Homo sapiens myristoylated alanine-rich protein kinase C substrate (MARCKS, 80K-L) (MACS), mRNA. /FEA=mRNA /GEN=MACS /PROD=myristoylated alanine-rich protein kinase Csubstrate /DB_XREF=gi:11125771 /UG=Hs.75607 myristoylated alanine-ri
212861_at	2,5	602186478T1 NIH_MGC_49 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4298635 3', mRNA sequence.
203814_s_at	2,5	NAD(P)H dehydrogenase, quinone 2
211019_s_at	2,5	Lanosterol synthase (2,3-oxidosqualene-lanosterol cyclase)

ID	cf	Gen
59999_at	2,5	zc13e07.s1 Soares_parathyroid_tumor_NbHPA Homo sapiens cDNA clone IMAGE:322212 3', mRNA sequence.
201002_s_at	2,5	Ubiquitin-conjugating enzyme E2 variant 1
203912_s_at	2,5	Deoxyribonuclease I-like 1
209645_s_at	2,5	Aldehyde dehydrogenase 1 family, member B1
221984_s_at	2,5	DKFZp434I2415_s1 434 (synonym: htes3) Homo sapiens cDNA clone DKFZp434I2415 3', mRNA sequence.
221710_x_at	2,5	Hypothetical protein FLJ10647
212806_at	2,5	KIAA0367 protein
215014_at	2,5	SEE ALSO
205516_x_at	2,4	Cip1-interacting zinc finger protein
210137_s_at	2,4	DCMP deaminase
206638_at	2,4	5-hydroxytryptamine (serotonin) receptor 2B
212707_s_at	2,4	Ca2+-promoted Ras inactivator
212437_at	2,4	Hypothetical protein FLJ11168
221428_s_at	2,4	Hypothetical protein DC42
218823_s_at	2,4	Hypothetical protein FLJ20038
210023_s_at	2,4	Hypothetical protein MGC10882
203705_s_at	2,4	qq08e12.x1 Soares_NhHMPu_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1931950 3', mRNA sequence.
202377_at	2,4	wv14f10.x1 NCI_CGAP_Brn23 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2529547 3', mRNA sequence.
221511_x_at	2,4	KIAA1254 protein
209306_s_at	2,4	SWAP-70 protein
201454_s_at	2,4	Aminopeptidase puromycin sensitive
201272_at	2,4	Aldo-keto reductase family 1, member B1 (aldose reductase)
210220_at	2,4	Frizzled (Drosophila) homolog 2
200859_x_at	2,4	Filamin A, alpha (actin-binding protein-280)
209059_s_at	2,4	Endothelial differentiation-related factor 1
217309_s_at	2,4	Down syndrome critical region gene 3
206491_s_at	2,4	N-ethylmaleimide-sensitive factor attachment protein, alpha
209648_x_at	2,4	KIAA0671 gene product
212589_at	2,4	602320181F1 NIH_MGC_89 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4415157 5', mRNA sequence.
209122_at	2,4	Adipose differentiation-related protein
208785_s_at	2,4	601436260F1 NIH_MGC_72 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3921446 5', mRNA sequence.
201082_s_at	2,4	Dynactin 1 (p150, Glued (Drosophila) homolog)
205412_at	2,4	Acetyl-Coenzyme A acetyltransferase 1 (acetoacetyl Coenzyme A thiolase)
202111_at	2,4	Solute carrier family 4, anion exchanger, member 2 (erythrocyte membrane protein band 3-like 1)
209969_s_at	2,4	Signal transducer and activator of transcription 1, 91kD
213223_at	2,4	Ribosomal protein L28
220500_s_at	2,4	RAB, member of RAS oncogene family-like 2A
212923_s_at	2,4	Chromosome 1 open reading frame 27
202439_s_at	2,4	Iduronate 2-sulfatase (Hunter syndrome)
204706_at	2,4	Phosphatidylinositol (4,5) biphosphate 5-phosphatase homolog; phosphatidylinositol polyphosphate 5-phosphatase type IV
212739_s_at	2,4	AL523860 LTI_NFL003_NBC3 Homo sapiens cDNA clone CS0DC003YM19 5 prime, mRNA sequence.
201259_s_at	2,4	wj12e10.x1 NCI_CGAP_Kid12 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2402634 3' similar to TR:Q16563 Q16563 PANTOPHYSIN. ;, mRNA sequence.
202349_at	2,4	Dystonia 1, torsion (autosomal dominant; torsin A)
202926_at	2,4	Neuroblastoma-amplified protein
210996_s_at	2,4	Tyrosine 3-monooxygenase/tryptophan 5-monooxygenase activation protein, epsilon polypeptide
204052_s_at	2,4	Secreted frizzled-related protein 4
212272_at	2,4	Lipin 1
220587_s_at	2,4	G protein beta subunit-like
204203_at	2,4	CCAAT/enhancer binding protein (C/EBP), gamma
221003_s_at	2,4	Hypothetical protein FLJ12577
219102_at	2,4	Hypothetical protein LOC57333
215273_s_at	2,4	Transcriptional adaptor 3 (ADA3, yeast homolog)-like (PCAF histone acetylase complex)
212335_at	2,4	xg56d07.x1 NCI_CGAP_Ut4 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2632333 3', mRNA sequence.
218684_at	2,4	Leucine-rich repeat-containing 5
202080_s_at	2,4	KIAA1042 protein
203859_s_at	2,4	Paralemmmin
207993_s_at	2,4	Calcium binding protein P22
214107_x_at	2,4	xr31f01.x1 NCI_CGAP_Ut4 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2761753 3' similar to SW:PSA_HUMAN P55786 PUROMYCIN-SENSITIVE AMINOPEPTIDASE ;, mRNA sequence.
215498_s_at	2,4	aa67a09.s1 NCI_CGAP_GCB1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:825976 3', mRNA sequence.
202426_s_at	2,4	Retinoid X receptor, alpha
35160_at	2,4	Homo sapiens LIM homeobox protein cofactor (CLIM2) mRNA, complete cds.
37996_s_at	2,4	putative; CDS using longer exon 8b; found in heart cDNA clones, contains exon 8a, lacking exons 13 and 14 resulting in frameshift and early translation; CDS using shorter exon 8a; found in heart cDNA clones, contains exon 8a, lacking exons 13 and 14 resulting in frameshift and early translation termination; Homo sapiens DMR-N9, partial cds; and myotonic dystrophy kinase (DM kinase) gene, complete cds.
203159_at	2,4	Glutaminase
213455_at	2,4	zh67c05.s1 Soares_fetal_liver_spleen_1NFLS_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:417128 3', mRNA sequence.
209853_s_at	2,4	Proteasome (prosome, macropain) activator subunit 3 (PA28 gamma; Ki)
212698_s_at	2,4	602277319F1 NIH_MGC_86 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4364933 5', mRNA sequence.
200771_at	2,4	Laminin, gamma 1 (formerly LAMB2)
218700_s_at	2,4	RAB7, member RAS oncogene family-like 1
209277_at	2,4	AL574096 LTI_NFL006_PL2 Homo sapiens cDNA clone CS0DI040YI17 3 prime, mRNA sequence.
201029_s_at	2,4	Antigen identified by monoclonal antibodies 12E7, F21 and O13

ID	cf	Gen
200802_at	2,4	Seryl-tRNA synthetase
208453_s_at	2,3	X-prolyl aminopeptidase (aminopeptidase P)-like
221556_at	2,3	AU145941 HEMBA1 Homo sapiens cDNA clone HEMBA1006337 3', mRNA sequence.
201815_s_at	2,3	KIAA0210 gene product
201360_at	2,3	Cystatin C (amyloid angiopathy and cerebral hemorrhage)
213836_s_at	2,3	wy86f07.x1 Soares_NSF_F8_9W_OT_PA_P_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2555461 3', mRNA sequence.
204458_at	2,3	LCAT-like lysophospholipase
202053_s_at	2,3	Aldehyde dehydrogenase 3 family, member A2
212117_at	2,3	602022620F1 NCI_CGAP_Brn67 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4158005 5', mRNA sequence.
204849_at	2,3	Transcription factor-like 5 (basic helix-loop-helix)
213503_x_at	2,3	601500477F1 NIH_MGC_70 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3902323 5', mRNA sequence.
201146_at	2,3	Nuclear factor (erythroid-derived 2)-like 2
200748_s_at	2,3	Ferritin, heavy polypeptide 1
202104_s_at	2,3	Spastic paraplegia 7, paraplegin (pure and complicated autosomal recessive)
208631_s_at	2,3	Hydroxyacyl-Coenzyme A dehydrogenase/3-ketoacyl-Coenzyme A thiolase/enoyl-Coenzyme A hydratase (trifunctional protein), alpha subunit
203857_s_at	2,3	For protein disulfide isomerase-related
203812_at	2,3	Slit (Drosophila) homolog 3
204998_s_at	2,3	Activating transcription factor 5
206441_s_at	2,3	Hypothetical protein FLJ20452
221449_s_at	2,3	Hypothetical protein CDA08
201975_at	2,3	Restin (Reed-Steinberg cell-expressed intermediate filament-associated protein)
204629_at	2,3	Parvin, beta
202123_s_at	2,3	V-abl Abelson murine leukemia viral oncogene homolog 1
200922_at	2,3	KDEL (Lys-Asp-Glu-Leu) endoplasmic reticulum protein retention receptor 1
200960_x_at	2,3	Clathrin, light polypeptide (Lca)
221676_s_at	2,3	Coronin, actin-binding protein, 1C
221551_x_at	2,3	NeuAc-alpha-2,3-Gal-beta-1,3-GalNAc-alpha-2, 6-sialyltransferase alpha2,6-sialyltransferase
203313_s_at	2,3	TGFB-induced factor (TALE family homeobox)
203530_s_at	2,3	Syntaxin 4A (placental)
205170_at	2,3	Signal transducer and activator of transcription 2, 113kD
218310_at	2,3	Putative Rab5 GDP/GTP exchange factor homologue
204608_at	2,3	Argininosuccinate lyase
209688_s_at	2,3	Hypothetical protein MGC13033
213843_x_at	2,3	xr15a02.x1 NCI_CGAP_Lu28 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2760170 3' similar to SW:NTCS_HUMAN P53796 SODIUM- AND CHLORIDE-DEPENDENT CREATINE TRANSPORTER 2 ;, mRNA sequence.
212059_s_at	2,3	DKFZP727M231 protein
204639_at	2,3	Adenosine deaminase
201012_at	2,3	Annexin A1
218312_s_at	2,3	Hypothetical protein FLJ12895
209533_s_at	2,3	Phospholipase A2-activating protein
208964_s_at	2,3	Fatty acid desaturase 1
211749_s_at	2,3	Vesicle-associated membrane protein 3 (cellubrevin)
219281_at	2,3	Methionine sulfoxide reductase A
212047_s_at	2,3	DKFZP566H073 protein
200924_s_at	2,3	Solute carrier family 3 (activators of dibasic and neutral amino acid transport), member 2
217869_at	2,3	Steroid dehydrogenase homolog
218812_s_at	2,3	gb:NM_025156.1 /DEF=Homo sapiens hypothetical protein FLJ12474 (FLJ12474), mRNA. /FEA=mRNA /GEN=FLJ12474 /PROD=hypothetical protein FLJ12474 /DB_XREF=gi:13376752 /UG=Hs.289053 hypothetical protein FLJ12474 /FL=gb:NM_025156.1
202693_s_at	2,3	Serine/threonine kinase 17a (apoptosis-inducing)
214002_at	2,3	zv35a09.s1 Soares ovary tumor NbHOT Homo sapiens cDNA clone IMAGE:755608 3' similar to gb:M22918 MYOSIN LIGHT CHAIN ALKALI, SMOOTH-MUSCLE ISOFORM (HUMAN);, mRNA sequence.
210427_x_at	2,3	Annexin A2
217529_at	2,3	601076255F1 NIH_MGC_12 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3462325 5', mRNA sequence.
213381_at	2,3	zb12a04.s1 Soares_fetal_lung_NbHL19W Homo sapiens cDNA clone IMAGE:301806 3' similar to contains element L1 repetitive element ;, mRNA sequence.
215294_s_at	2,3	SWI/SNF related, matrix associated, actin dependent regulator of chromatin, subfamily a, member 1
214152_at	2,3	AU144243 HEMBA1 Homo sapiens cDNA clone HEMBA1001328 3', mRNA sequence.
202777_at	2,3	Soc-2 (suppressor of clear, C.elegans) homolog
212403_at	2,3	Similar to KIAA0010 gene product (H. sapiens)
217716_s_at	2,3	Protein transport protein SEC61 alpha subunit isoform 1
220134_x_at	2,3	Hypothetical protein FLJ10647
212971_at	2,3	wj25f08.x1 NCI_CGAP_Kid12 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2403879 3' similar to WP:Y23H5A.7 CE18363 AMINOACYL-TRNA SYNTHETASE ;, mRNA sequence.
210105_s_at	2,3	FYN oncogene related to SRC, FGR, YES
222129_at	2,3	SEE ALSO
200613_at	2,3	Adaptor-related protein complex 2, mu 1 subunit
207428_x_at	2,3	Cell division cycle 2-like 1 (PTISLRE proteins)
202475_at	2,3	gb:NM_006326.1 /DEF=Homo sapiens seven transmembrane domain protein (NIFIE14), mRNA. /FEA=mRNA /GEN=NIFIE14 /PROD=seven transmembrane domain protein /DB_XREF=gi:5453781 /UG=Hs.9234 seven transmembrane domain protein /FL=gb:BC001118.1 gb:NM_006326.1
219234_x_at	2,3	Hypothetical protein FLJ23142
220615_s_at	2,3	Hypothetical protein FLJ10462
202441_at	2,3	AL568449 LTI_FL002_PL1 Homo sapiens cDNA clone CS0DE001YC12 3 prime , mRNA sequence.
203592_s_at	2,3	Follistatin-like 3 (secreted glycoprotein)
201590_x_at	2,3	Annexin A2

ID	cf	Gen
218110_at	2,3	HCNP protein; XPA-binding protein 2
204139_x_at	2,3	Zinc finger protein 42 (myeloid-specific retinoic acid- responsive)
208124_s_at	2,3	Sema domain, immunoglobulin domain (Ig), transmembrane domain (TM) and short cytoplasmic domain, (semaphorin) 4F
214975_s_at	2,3	SEE ALSO
216247_at	2,3	Ribosomal protein S20
221983_at	2,3	DKFZp434I2415_s1 434 (synonym: htes3) Homo sapiens cDNA clone DKFZp434I2415 3', mRNA sequence.
202986_at	2,3	Aryl hydrocarbon receptor nuclear translocator 2
220477_s_at	2,3	HSPC274 protein
219677_at	2,3	Hypothetical protein FLJ22393
213851_at	2,3	602300830F1 NIH_MGC_87 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4402326 5', mRNA sequence.
202728_s_at	2,3	wr80e09.x1 NCI_CGAP_Ut1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2494024 3' similar to gb:M34057 TRANSFORMING GROWTH FACTOR BETA-1 BINDING PROTEIN (HUMAN);, mRNA sequence.
208616_s_at	2,3	Protein tyrosine phosphatase type IVA, member 2
210607_at	2,3	Fms-related tyrosine kinase 3 ligand
202092_s_at	2,3	Binder of Arl Two
37462_i_at	2,3	Splicing factor 3a, subunit 2, 66kD
202371_at	2,3	Hypothetical protein FLJ21174
200606_at	2,3	Desmoplakin (DPI, DPII)
216836_s_at	2,3	V-erb-b2 avian erythroblastic leukemia viral oncogene homolog 2 (neuro/glioblastoma derived oncogene homolog)
201938_at	2,3	CDK2-associated protein 1
212185_x_at	2,3	Metallothionein 2A
217784_at	2,3	601277836F1 NIH_MGC_20 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3618848 5', mRNA sequence.
216252_x_at	2,3	Tumor necrosis factor receptor superfamily, member 6
201399_s_at	2,3	Translocating chain-associating membrane protein
200743_s_at	2,3	Ceroid-lipofuscinosis, neuronal 2, late infantile (Jansky-Bielschowsky disease)
210010_s_at	2,3	Solute carrier family 25 (mitochondrial carrier; citrate transporter), member 1
203575_at	2,3	Casein kinase 2, alpha prime polypeptide
204246_s_at	2,3	Dynactin 3 (p22)
202947_s_at	2,2	Glycophorin C (Gerbich blood group)
205081_at	2,2	Cysteine-rich protein 1 (intestinal)
212119_at	2,2	602022620F1 NCI_CGAP_Brn67 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4158005 5', mRNA sequence.
204102_s_at	2,2	Eukaryotic translation elongation factor 2
203037_s_at	2,2	KIAA0429 gene product
200759_x_at	2,2	Nuclear factor (erythroid-derived 2)-like 1
202252_at	2,2	RAB13, member RAS oncogene family
51146_at	2,2	zx56a06.r1 Soares_fetal_liver_spleen_1NFLS_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:446482 5', mRNA sequence.
221972_s_at	2,2	AL571362 LTI_NFL006_PL2 Homo sapiens cDNA clone CS0DI009YD14 3 prime, mRNA sequence.
201461_s_at	2,2	Mitogen-activated protein kinase-activated protein kinase 2
216125_s_at	2,2	SEE ALSO
208614_s_at	2,2	Filamin B, beta (actin-binding protein-278)
205168_at	2,2	Discoidin domain receptor family, member 2
202583_s_at	2,2	RAN binding protein 9
221016_s_at	2,2	HMG-box transcription factor TCF-3
221502_at	2,2	DKFZp762C1712_r1 762 (synonym: hmel2) Homo sapiens cDNA clone DKFZp762C1712 5', mRNA sequence.
218407_x_at	2,2	Secreted protein of unknown function
200096_s_at	2,2	tb77d10.x1 NCI_CGAP_Brn20 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2060371 3', mRNA sequence.
214315_x_at	2,2	tb60a01.x1 NCI_CGAP_Br15 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2058696 3' similar to gb:M84739 CALRETICULIN PRECURSOR (HUMAN);, mRNA sequence.
212120_at	2,2	602022620F1 NCI_CGAP_Brn67 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4158005 5', mRNA sequence.
201851_at	2,2	SH3-domain GRB2-like 1
208867_s_at	2,2	Casein kinase 1, alpha 1
56821_at	2,2	wt63e03.x1 NCI_CGAP_Pan1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2512156 3', mRNA sequence.
210825_s_at	2,2	Erythrocyte membrane protein band 7.2 (stomatins)
217868_s_at	2,2	CGI-81 protein
59631_at	2,2	qh60e06.x1 Soares_fetal_liver_spleen_1NFLS_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1849090 3' similar to SW:TRXB_HUMAN Q16881 THIOREDOXIN REDUCTASE ;, mRNA sequence.
202247_s_at	2,2	601347512F1 NIH_MGC_8 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3688347 5', mRNA sequence.
212607_at	2,2	Serologically defined colon cancer antigen 8
219249_s_at	2,2	Hypothetical protein FLJ22041 similar to FK506 binding proteins
219491_at	2,2	Hypothetical protein MGC3103
214126_at	2,2	yv25c06.s1 Soares fetal liver spleen 1NFLS Homo sapiens cDNA clone IMAGE:243754 3', mRNA sequence.
202120_x_at	2,2	Adaptor-related protein complex 2, sigma 1 subunit
202402_s_at	2,2	Cysteinyl-tRNA synthetase
64486_at	2,2	qx90b09.x1 NCI_CGAP_GC6 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2009753 3' similar to SW:CORO_BOVIN Q92176 CORONIN-LIKE PROTEIN P57. ;, mRNA sequence.
201805_at	2,2	Protein kinase, AMP-activated, gamma 1 non-catalytic subunit
214864_s_at	2,2	Glyoxylate reductase/hydroxypyruvate reductase
204034_at	2,2	Protein expressed in thyroid
202214_s_at	2,2	Cullin 4B
218328_at	2,2	CGI-92 protein
215253_s_at	2,2	SEE ALSO
210213_s_at	2,2	Integrin beta 4 binding protein
210337_s_at	2,2	ATP citrate lyase
204004_at	2,2	qt44e12.x1 Soares_fetal_lung_NbHL19W Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1950862 3' similar to contains Alu repetitive element;;, mRNA sequence.

ID	cf	Gen
221096_s_at	2,2	Hypothetical protein PRO1580
201791_s_at	2,2	7-dehydrocholesterol reductase
200683_s_at	2,2	Ubiquitin-conjugating enzyme E2L3
215096_s_at	2,2	AU145746 HEMBA1 Homo sapiens cDNA clone HEMBA1005679 3', mRNA sequence.
218452_at	2,2	SWI/SNF related, matrix associated, actin dependent regulator of chromatin, subfamily a-like 1
200677_at	2,2	Pituitary tumor-transforming 1 interacting protein
207088_s_at	2,2	Solute carrier family 25 (mitochondrial carrier; oxoglutarate carrier), member 11
214726_x_at	2,2	AL556041 LTI_NFL006_PL2 Homo sapiens cDNA clone CS0DK010YL13 5 prime, mRNA sequence.
202593_s_at	2,2	Membrane interacting protein of RGS16
203183_s_at	2,2	SWI/SNF related, matrix associated, actin dependent regulator of chromatin, subfamily d, member 1
214853_s_at	2,2	qa53e05.s1 Soares_NhHMPu_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1690496 3', mRNA sequence.
213885_at	2,2	zl02f12.s1 Soares_pregnant_uterus_NbHPU Homo sapiens cDNA clone IMAGE:491183 3', mRNA sequence.
202419_at	2,2	Follicular lymphoma variant translocation 1
209581_at	2,2	Similar to rat HREV107
212803_at	2,2	602034718F1 NCI_CGAP_Brn64 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4182484 5', mRNA sequence.
212122_at	2,2	602022620F1 NCI_CGAP_Brn67 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4158005 5', mRNA sequence.
219552_at	2,2	Likely ortholog of mouse polydom
200782_at	2,2	Annexin A5
212183_at	2,2	Nudix (nucleoside diphosphate linked moiety X)-type motif 4
209247_s_at	2,2	ATP-binding cassette, sub-family F (GCN20), member 2
209017_s_at	2,2	Protease, serine, 15
219569_s_at	2,2	Hypothetical protein MGC3295
202041_s_at	2,2	gb:NM_004214.3 /DEF=Homo sapiens fibroblast growth factor (acidic) intracellular binding protein (FIBP), mRNA. /FEA=mRNA /GEN=FIBP /PROD=fibroblast growth factor (acidic) intracellularbinding protein /DB_XREF=gi:7262377 /UC=Hs.7768 fibroblast growth fact
76897_s_at	2,2	af97e06.s1 Soares_testis_NHT Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1055746 3', mRNA sequence.
205166_at	2,2	Calpain 5
208899_x_at	2,2	ATPase, H+ transporting lysosomal (vacuolar proton pump), member M
207177_at	2,2	Prostaglandin F receptor (FP)
218354_at	2,2	Unknown
217854_s_at	2,2	Polymerase (RNA) II (DNA directed) polypeptide E (25kD)
211564_s_at	2,2	LIM domain protein
208581_x_at	2,2	Metallothionein 1X
209577_at	2,2	Phosphate cytidylyltransferase 2, ethanolamine
208620_at	2,2	Poly(rC)-binding protein 1
202012_s_at	2,2	zp92h05.s1 Stratagene HeLa cell s3 937216 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:627705 3', mRNA sequence.
213227_at	2,2	601491389F1 NIH_MGC_69 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3893302 5', mRNA sequence.
201366_at	2,2	Annexin A7
218224_at	2,2	Paraneoplastic antigen MA1
214040_s_at	2,2	7f07c05.x1 NCI_CGAP_CLL1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3293960 3' similar to gb:X04412 GELSOLIN PRECURSOR, PLASMA (HUMAN);, mRNA sequence.
206284_x_at	2,2	Clathrin, light polypeptide (Lcb)
202290_at	2,2	PDGFA associated protein 1
209452_s_at	2,2	Vesicle-associated soluble NSF attachment protein receptor (v-SNARE; homolog of S. cerevisiae VTI1)
212953_x_at	2,2	601107814F1 NIH_MGC_16 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3344018 5', mRNA sequence.
212459_x_at	2,2	nab48f10.x1 Soares_NSF_F8_9W_OT_PA_P_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3269154 3', mRNA sequence.
220128_s_at	2,2	Hypothetical protein FLJ13955
218485_s_at	2,2	GDP-fucose transporter 1
210141_s_at	2,2	Inhibin, alpha
214629_x_at	2,2	Reticulon 4
219549_s_at	2,2	Reticulon 3
207501_s_at	2,2	Fibroblast growth factor 12B
205508_at	2,1	Sodium channel, voltage-gated, type I, beta polypeptide
209248_at	2,1	Growth hormone inducible transmembrane protein
200001_at	2,1	Calpain, small subunit 1
213548_s_at	2,1	602377462F1 NIH_MGC_92 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4508319 5', mRNA sequence.
55093_at	2,1	nj21a11.s1 NCI_CGAP_AA1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:993116 3', mRNA sequence.
208270_s_at	2,1	Arginyl aminopeptidase (aminopeptidase B)
219579_at	2,1	RAB3A interacting protein (rabin3)-like 1
218467_at	2,1	X 003 protein
200768_s_at	2,1	Methionine adenosyltransferase II, alpha
78047_s_at	2,1	ws04f09.x1 NCI_CGAP_Kid11 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2496233 3' similar to contains TARI.t2 MSR1 repetitive element ;, mRNA sequence.
200053_at	2,1	Sperm associated antigen 7
218697_at	2,1	SH3 protein interacting with Nck, 90 kDa
209154_at	2,1	Tax interaction protein 1
201475_x_at	2,1	Methionine-tRNA synthetase
212512_s_at	2,1	nf99f01.s1 NCI_CGAP_Co3 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:928057 3', mRNA sequence.
206807_s_at	2,1	Adducin 2 (beta)
220985_s_at	2,1	Hypothetical protein DKFZp564A022
204955_at	2,1	Sushi-repeat-containing protein, X chromosome
210609_s_at	2,1	Quinone oxidoreductase homolog
215707_s_at	2,1	AV725328 HTC Homo sapiens cDNA clone HTCAVD03 5', mRNA sequence.
210949_s_at	2,1	Eukaryotic translation initiation factor 3, subunit 8 (110kD)
203833_s_at	2,1	7k67g05.x1 NCI_CGAP_GC6 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3480752 3' similar to TR:Q92760 Q92760 TGN46 PROTEIN PRECURSOR. ;, mRNA sequence.

ID	cf	Gen
207585_s_at	2,1	Ribosomal protein L36a
201081_s_at	2,1	Phosphatidylinositol-4-phosphate 5-kinase, type II, beta
208908_s_at	2,1	Calpastatin
201920_at	2,1	Solute carrier family 20 (phosphate transporter), member 1
208370_s_at	2,1	Down syndrome critical region gene 1
221675_s_at	2,1	Cholinephosphotransferase 1
214585_s_at	2,1	SAC2 (suppressor of actin mutations 2, yeast, homolog)-like
202418_at	2,1	Putative transmembrane protein; homolog of yeast Golgi membrane protein Yif1p (Yip1p-interacting factor)
203763_at	2,1	CGI-60 protein
212128_s_at	2,1	602038536F1 NCI_CGAP_Brn64 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4186401 5', mRNA sequence.
212929_s_at	2,1	zd42b02.s1 Soares_fetal_heart_NbHH19W Homo sapiens cDNA clone IMAGE:343275 3', mRNA sequence.
222046_at	2,1	tg97g03.x1 NCI_CGAP_CLL1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2116756 3' similar to TR:Q60436 Q60436 ARSENITE-RESISTANCE PROTEIN. ;, mRNA sequence.
216903_s_at	2,1	Calcium binding atopy-related autoantigen 1
211672_s_at	2,1	gb:AF019888.1 /DEF=Homo sapiens Arp23 complex 20 kDa subunit (ARC20) mRNA, complete cds. /FEA=mRNA /GEN=ARC20 /PROD=Arp23 complex 20 kDa subunit /DB_XREF=gi:2444286 /FL=gb:AF019888.1
202783_at	2,1	Nicotinamide nucleotide transhydrogenase
210224_at	2,1	Major histocompatibility complex, class I-like sequence
201671_x_at	2,1	Ubiquitin specific protease 14 (tRNA-guanine transglycosylase)
221571_at	2,1	as68b11.x1 Barstead colon HPLRB7 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2333853 3', mRNA sequence.
201193_at	2,1	Isocitrate dehydrogenase 1 (NADP+), soluble
209852_x_at	2,1	Proteasome (prosome, macropain) activator subunit 3 (PA28 gamma; Ki)
201384_s_at	2,1	Membrane component, chromosome 17, surface marker 2 (ovarian carcinoma antigen CA125)
218904_s_at	2,1	Hypothetical protein FLJ10110
217899_at	2,1	Hypothetical protein FLJ20254
200611_s_at	2,1	WD repeat domain 1
210876_at	2,1	Annexin A2 pseudogene 1
208951_at	2,1	Aldehyde dehydrogenase 7 family, member A1
216032_s_at	2,1	Serologically defined breast cancer antigen 84
219020_at	2,1	Hypothetical protein FLJ14249 similar to HS1 binding protein 3
217934_x_at	2,1	STIP1 homology and U-Box containing protein 1
206748_s_at	2,1	Sperm associated antigen 9
202024_at	2,1	ArsA (bacterial) arsenite transporter, ATP-binding, homolog 1
203269_at	2,1	Neutral sphingomyelinase (N-SMase) activation associated factor
200831_s_at	2,1	zi27a06.s1 Soares_fetal_liver_spleen_1NFLS.S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:431986 3', mRNA sequence.
221041_s_at	2,1	Solute carrier family 17 (anion/sugar transporter), member 5
209667_at	2,1	601454201F1 NIH_MGC_66 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3857928 5', mRNA sequence.
200966_x_at	2,1	Aldolase A, fructose-bisphosphate
218525_s_at	2,1	Hypoxia-inducible factor 1, alpha subunit inhibitor
216272_x_at	2,1	Hypothetical protein FLJ13511
201724_s_at	2,1	UDP-N-acetyl-alpha-D-galactosamine:polypeptide N-acetylgalactosaminyltransferase 1 (GalNAc-T1)
210716_s_at	2,1	Restin (Reed-Steinberg cell-expressed intermediate filament-associated protein)
219618_at	2,1	Putative protein kinase NY-REN-64 antigen
211630_s_at	2,1	gb:L42531.1 /DEF=Homo sapiens (clone pGSH1) glutathione synthetase (gsh-s) mRNA, complete cds. /FEA=mRNA /GEN=gsh-s /PROD=glutathione synthetase /DB_XREF=gi:886283 /FL=gb:L42531.1
207172_s_at	2,1	Cadherin 11, type 2, OB-cadherin (osteoblast)
215994_x_at	2,1	KIAA0676 protein
200645_at	2,1	GABA(A) receptor-associated protein
219671_at	2,1	Hippocalcin-like protein 4
200988_s_at	2,1	Proteasome (prosome, macropain) activator subunit 3 (PA28 gamma; Ki)
217007_s_at	2,1	A disintegrin and metalloproteinase domain 15 (metargidin)
204371_s_at	2,1	wp65f12.x1 NCI_CGAP_Brn25 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2466671 3' similar to TR:O00301 O00301 KSRP. ;, mRNA sequence.
221752_at	2,1	KIAA1298 protein
214552_s_at	2,1	Rabaptin-5
219598_s_at	2,1	gb:NM_016104.1 /DEF=Homo sapiens PTD013 protein (PTD013), mRNA. /FEA=mRNA /GEN=PTD013 /PROD=PTD013 protein /DB_XREF=gi:7706668 /UG=Hs.279857 PTD013 protein /FL=gb:AF092134.1 gb:NM_016104.1
202354_s_at	2,1	x115c01.x1 NCI_CGAP_Ut4 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2676288 3' similar to gb:X64002_cds1 TRANSCRIPTION FACTOR IIF, ALPHA SUBUNIT (HUMAN);, mRNA sequence.
219742_at	2,1	Hypothetical protein MGC10772
221476_s_at	2,1	Ribosomal protein L15
201172_x_at	2,1	ATPase, H+ transporting, lysosomal (vacuolar proton pump) 9kD
218584_at	2,1	Hypothetical protein FLJ21127
202105_at	2,1	Immunoglobulin (CD79A) binding protein 1
200736_s_at	2,1	Glutathione peroxidase 1
217543_s_at	2,1	601431767F1 NIH_MGC_72 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3916816 5', mRNA sequence.
218037_at	2,1	Hypothetical protein MGC3035
218776_s_at	2,1	Hypothetical protein FLJ23375
202815_s_at	2,1	HMBA-inducible
212518_at	2,1	Phosphatidylinositol-4-phosphate 5-kinase, type I, gamma
220199_s_at	2,1	Hypothetical protein FLJ12806
211628_x_at	2,1	gb:J04755.1 /DEF=Human ferritin H processed pseudogene, complete cds. /FEA=mRNA /GEN=FTHP1 /DB_XREF=gi:182512 /FL=gb:J04755.1
216514_at	2,1	Consensus includes gb:AF203728.1 /DEF=Homo sapiens bone morphogenetic protein BMPY (BMPY) mRNA, partial cds. /FEA=mRNA /GEN=BMPY /PROD=bone morphogenetic protein BMPY /DB_XREF=gi:6525028 /UG=Hs.283898 Homo sapiens bone morphogenetic protein BMPY (BMPY) m
212453_at	2,1	DKFZP586B0923 protein

ID	cf	Gen
210622_x_at	2,1	Cyclin-dependent kinase (CDC2-like) 10
207860_at	2,1	Lymphocyte antigen 94 (mouse) homolog (activating NK-receptor; NK-p46)
218838_s_at	2,1	Hypothetical protein FLJ12788
213698_at	2,1	tx86f04.x1 NCI_CGAP_Ut4 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2276479 3', mRNA sequence.
216835_s_at	2,1	Docking protein 1, 62kD (downstream of tyrosine kinase 1)
208717_at	2,1	Oxidase (cytochrome c) assembly 1-like
209217_s_at	2,1	JM5 protein
205479_s_at	2,1	Plasminogen activator, urokinase
209868_s_at	2,1	RNA binding motif, single stranded interacting protein 1
48531_at	2,1	ni40e12.s1 NCI_CGAP_Lu1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:979342 3', mRNA sequence.
202397_at	2,1	Nuclear transport factor 2 (placental protein 15)
209401_s_at	2,1	Solute carrier family 12 (potassium/chloride transporters), member 4
205396_at	2,1	602272936F1 NIH_MGC_84 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4361120 5', mRNA sequence.
215499_at	2,1	aa67a09.s1 NCI_CGAP_GCB1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:825976 3', mRNA sequence.
218699_at	2,1	602435412F1 NIH_MGC_46 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4553498 5', mRNA sequence.
202807_s_at	2,1	Target of myb1 (chicken) homolog
201379_s_at	2,1	Tumor protein D52-like 2
208101_s_at	2,1	Hypothetical protein MGC2668
202450_s_at	2,1	Cathepsin K (pseudosostosis)
208624_s_at	2,1	601660888R1 NIH_MGC_72 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3915909 3', mRNA sequence.
203529_at	2,1	Protein phosphatase 6, catalytic subunit
202109_at	2,1	Partner of RAC1 (arfaptin 2)
207713_s_at	2,1	HBV associated factor
200917_s_at	2,1	602517313F1 NIH_MGC_16 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4649162 5', mRNA sequence.
204104_at	2,1	Small nuclear RNA activating complex, polypeptide 2, 45kD
201318_s_at	2,1	Myosin, light polypeptide, regulatory, non-sarcomeric (20kD)
209210_s_at	2,1	Mitogen inducible 2
219204_s_at	2,1	Serine racemase
213498_at	2,1	602427745F1 NIH_MGC_15 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4547050 5', mRNA sequence.
214665_s_at	2,1	Calcium binding protein P22
217808_s_at	2,1	Hypothetical protein MGC2745
203617_x_at	2,1	ELK1, member of ETS oncogene family
216105_x_at	2,0	Protein phosphatase 2A, regulatory subunit B' (PR 53)
208813_at	2,0	Glutamic-oxaloacetic transaminase 1, soluble (aspartate aminotransferase 1)
208950_s_at	2,0	Aldehyde dehydrogenase 7 family, member A1
201708_s_at	2,0	xc09g02.x1 NCI_CGAP_Co21 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2583794 3' similar to TR:O43800 O43800 NIPSNAP1 PROTEIN.;, mRNA sequence.
216241_s_at	2,0	Transcription elongation factor A (SII), 1
203262_s_at	2,0	DNA segment on chromosome X (unique) 9928 expressed sequence
201052_s_at	2,0	602297261F1 NIH_MGC_87 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4391534 5', mRNA sequence.
212815_at	2,0	z119h05.s1 Soares_pregnant_uterus_NbHPU Homo sapiens cDNA clone IMAGE:502425 3', mRNA sequence.
203574_at	2,0	Nuclear factor, interleukin 3 regulated
204093_at	2,0	Cyclin H
221764_at	2,0	AL574186 LTI_NFL006_PL2 Homo sapiens cDNA clone CS0DI039YM09 3 prime, mRNA sequence.
215535_s_at	2,0	1-acylglycerol-3-phosphate O-acyltransferase 1 (lysophosphatidic acid acyltransferase, alpha)
201944_at	2,0	Hexosaminidase B (beta polypeptide)
214439_x_at	2,0	Bridging integrator 1
204488_at	2,0	KIAA1094 protein
215000_s_at	2,0	Fasciculation and elongation protein zeta 2 (zygin II)
221684_s_at	2,0	Nyctalopin
200982_s_at	2,0	Annexin A6
221814_at	2,0	UL-H-BI4-a0j-h-02-0-UL.s1 NCI_CGAP_Sub8 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3085275 3', mRNA sequence.
207334_s_at	2,0	Transforming growth factor, beta receptor II (70-80kD)
200805_at	2,0	Chromosome 5 open reading frame 8
212243_at	2,0	wa35a11.x1 NCI_CGAP_Kid11 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2300060 3', mRNA sequence.
211716_x_at	2,0	Rho GDP dissociation inhibitor (GDI) alpha
209432_s_at	2,0	CAMP responsive element binding protein 3 (luman)
202915_s_at	2,0	7n64f10.x1 NCI_CGAP_Lu24 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3569442 3', mRNA sequence.
220917_s_at	2,0	KIAA1638 protein
211325_x_at	2,0	SEE ALSO
221951_at	2,0	wi34e04.x1 NCI_CGAP_Co16 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2392158 3', mRNA sequence.
213937_s_at	2,0	AV723177 HTB Homo sapiens cDNA clone HTBBUC07 5', mRNA sequence.
218020_s_at	2,0	Likely ortholog of mouse testis expressed gene 27
218773_s_at	2,0	Pilin-like transcription factor
213756_s_at	2,0	tg11a08.x1 NCI_CGAP_CLL1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2108438 3' similar to gb:M64673 HEAT SHOCK FACTOR PROTEIN 1 (HUMAN);, mRNA sequence.
210544_s_at	2,0	Aldehyde dehydrogenase 3 family, member A2
205690_s_at	2,0	Maternal G10 transcript
206483_at	2,0	Testis specific leucine rich repeat protein
204715_at	2,0	Pannexin 1
202931_x_at	2,0	Bridging integrator 1
209633_at	2,0	Protein phosphatase 2 (formerly 2A), regulatory subunit B" (PR 72), alpha isoform and (PR 130), beta isoform
211017_s_at	2,0	Neurofibromin 2 (bilateral acoustic neuroma)
205230_at	2,0	KIAA0985 protein
212299_at	2,0	Hypothetical protein MGC16714
212890_at	2,0	602144623F1 NIH_MGC_48 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4297924 5', mRNA sequence.

ID	cf	Gen
213478_at	2,0	KIAA1026 protein
219072_at	2,0	B-cell CLL/lymphoma 7C
37022_at	2,0	proline-arginine-rich end leucine-rich repeat protein PRELP; 55 kDa leucine-rich repeat protein of articular cartilage; Human prolargin (PRELP) gene, exon 3 and complete cds.
210672_s_at	2,0	Conserved gene telomeric to alpha globin cluster
207180_s_at	2,0	HIV-1 Tat interactive protein 2, 30 kDa
217923_at	2,0	PEF protein with a long N-terminal hydrophobic domain (pefflin)
204204_at	2,0	Solute carrier family 31 (copper transporters), member 2
203179_at	2,0	Galactose-1-phosphate uridylyltransferase
216036_x_at	2,0	KIAA1037 protein
212810_s_at	2,0	602301908F1 NIH_MGC_87 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4403569 5', mRNA sequence.
208807_s_at	2,0	Chromodomain helicase DNA binding protein 3
209019_s_at	2,0	PTEN induced putative kinase 1
204202_at	2,0	KIAA1023 protein
217975_at	2,0	Pp21 homolog
213272_s_at	2,0	Hypothetical protein from clone 24796
219314_s_at	2,0	Zinc finger protein 219
206592_s_at	2,0	Adaptor-related protein complex 3, delta 1 subunit
202671_s_at	2,0	Pyridoxal (pyridoxine, vitamin B6) kinase
201807_at	2,0	Vacuolar protein sorting 26 (yeast homolog)
208629_s_at	2,0	602513910F1 NIH_MGC_16 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4645587 5', mRNA sequence.
202064_s_at	2,0	Sel-1 (suppressor of lin-12, C.elegans)-like
203897_at	2,0	601657224R1 NIH_MGC_67 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3866357 3', mRNA sequence.
213448_at	2,0	wd68f02.x1 NCI_CGAP_Lu24 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2336763 3', mRNA sequence.
213465_s_at	2,0	KEST172 normal human keratinocytes Homo sapiens cDNA clone S90413.NIH-107-R.ab1 3', mRNA sequence.
32836_at	2,0	LPAAT-a; 1-acyl-sn-glycerol-3-phosphate acyltransferase; similar to sequence within class III MHC locus on chromosome 6 deposited in GenBank Accession Number U89336; Human lysophosphatidic acid acyltransferase-alpha mRNA, complete cds.
204359_at	2,0	Fibronectin leucine rich transmembrane protein 2
208421_at	2,0	RIG-like 14-1
208613_s_at	2,0	AV712733 DCA Homo sapiens cDNA clone DCAACE01 5', mRNA sequence.
213803_at	2,0	602572695F1 NIH_MGC_77 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4701118 5', mRNA sequence.
214752_x_at	2,0	ty57d06.x1 NCI_CGAP_Ut2 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2283179 3' similar to gb:X53416 ENDOTHELIAL ACTIN-BINDING PROTEIN (HUMAN);, mRNA sequence.
208659_at	2,0	Chloride intracellular channel 1
211121_s_at	2,0	Docking protein 1, 62kD (downstream of tyrosine kinase 1)
34689_at	2,0	Homo sapiens mRNA for deoxyribonuclease III (drn3 gene).
219175_s_at	2,0	Hypothetical protein FLJ20473
213549_at	2,0	wm93f11.x1 NCI_CGAP_Ut2 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2443533 3', mRNA sequence.
220453_at	2,0	Hypothetical protein FLJ20320
202108_at	2,0	Peptidase D
212586_at	2,0	602282681F1 NIH_MGC_86 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4369844 5', mRNA sequence.
202347_s_at	2,0	Huntingtin interacting protein 2
210653_s_at	2,0	Branched chain keto acid dehydrogenase E1, beta polypeptide (maple syrup urine disease)
200852_x_at	2,0	Guanine nucleotide binding protein (G protein), beta polypeptide 2
220740_s_at	2,0	Solute carrier family 12 (potassium/chloride transporters), member 6
204402_at	2,0	Chromosome 22 open reading frame 3
201569_s_at	2,0	CGI-51 protein
218471_s_at	2,0	Hypothetical protein FLJ23590
216865_at	2,0	Collagen, type XIV, alpha 1 (undulin)
221619_s_at	2,0	Mitochondrial carrier homolog 1
204344_s_at	2,0	Sec23 (S. cerevisiae) homolog A
209550_at	2,0	Necdin (mouse) homolog
201339_s_at	2,0	Sterol carrier protein 2
200907_s_at	2,0	Palladin
212330_at	2,0	yh08a11.s1 Soares infant brain 1NIB Homo sapiens cDNA clone IMAGE:42383 3', mRNA sequence.
205756_s_at	2,0	Coagulation factor VIII, procoagulant component (hemophilia A)
210849_s_at	2,0	Vacuolar protein sorting 41 (yeast homolog)
203831_at	2,0	gb:NM_014925.1 /DEF=Homo sapiens KIAA1002 protein (KIAA1002), mRNA. /FEA=mRNA /GEN=KIAA1002 /PROD=KIAA1002 protein /DB_XREF=gi:7662441 /UG=Hs.102483 KIAA1002 protein /FL=gb:AB023219.1 gb:AF113695.1 gb:NM_014925.1
217918_at	2,0	HSPC162 protein
219749_at	2,0	Hypothetical protein FLJ20967
202089_s_at	2,0	LIV-1 protein, estrogen regulated
204032_at	2,0	Breast cancer anti-estrogen resistance 3
203109_at	2,0	Ubiquitin-conjugating enzyme E2M (homologous to yeast UBC12)
217855_x_at	2,0	Calcium binding protein Cab45 precursor
218204_s_at	2,0	FYVE and coiled-coil domain containing 1
217750_s_at	2,0	Hypothetical protein FLJ13855
219073_s_at	2,0	Hypothetical protein FLJ20363
35617_at	2,0	Human BMK1 alpha kinase mRNA, complete cds.
211023_at	2,0	Pyruvate dehydrogenase (lipoamide) beta
212193_s_at	2,0	601490242F1 NIH_MGC_69 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3892546 5', mRNA sequence.
211068_x_at	2,0	KIAA0592 protein
211505_s_at	2,0	Staufen (Drosophila, RNA-binding protein)
204193_at	2,0	Choline kinase-like

ID	cf	Gen
221647_s_at	2,0	Hypothetical protein from EUROIIMAGE 1987170
210428_s_at	2,0	Hepatocyte growth factor-regulated tyrosine kinase substrate
212772_s_at	2,0	ATP-binding cassette, sub-family A (ABC1), member 2
208906_at	2,0	Hypothetical protein MGC4694
209194_at	2,0	Centrin, EF-hand protein, 2
202374_s_at	2,0	Rab3 GTPase-activating protein, non-catalytic subunit (150kD)
200647_x_at	2,0	Eukaryotic translation initiation factor 3, subunit 8 (110kD)
210734_x_at	2,0	MAX protein
206782_s_at	2,0	DnaJ (Hsp40) homolog, subfamily C, member 4
218419_s_at	2,0	Hypothetical protein MGC3123
220351_at	2,0	Orphan seven-transmembrane receptor, chemokine related
204214_s_at	2,0	RAB32, member RAS oncogene family
202535_at	2,0	Fas (TNFRSF6)-associated via death domain
208459_s_at	2,0	RAN binding protein 16
201714_at	2,0	Tubulin, gamma 1
217761_at	2,0	SIPL protein
219655_at	2,0	Hypothetical protein FLJ11808
218717_s_at	2,0	Hypothetical protein FLJ10718
202680_at	2,0	General transcription factor IIE, polypeptide 2 (beta subunit, 34kD)
208158_s_at	2,0	Oxysterol-binding protein-related protein 1
212400_at	2,0	DKFZp434L1423_s1 434 (synonym: htes3) Homo sapiens cDNA clone DKFZp434L1423 3', mRNA sequence.
218379_at	2,0	RNA binding motif protein 7
203242_s_at	2,0	7o46a11.x1 NCI_CGAP_Kid11 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3576885 3' similar to TR:O60705 O60705 LIM PROTEIN.; mRNA sequence.
32094_at	2,0	Homo sapiens mRNA for chondroitin 6-sulfotransferase, complete cds.
202101_s_at	2,0	V-ral simian leukemia viral oncogene homolog B (ras related; GTP binding protein)
200609_s_at	2,0	WD repeat domain 1
212102_s_at	2,0	Karyopherin alpha 6 (importin alpha 7)
200699_at	2,0	KDEL (Lys-Asp-Glu-Leu) endoplasmic reticulum protein retention receptor 2
201460_at	2,0	qa56e05.s1 Soares_NhHMPu_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1690784 3', mRNA sequence.
209413_at	2,0	UDP-Gal:betaGlcNAc beta 1,4- galactosyltransferase, polypeptide 2
204615_x_at	2,0	Isopentenyl-diphosphate delta isomerase
212288_at	2,0	Formin-binding protein 17
202895_s_at	2,0	Protein tyrosine phosphatase, non-receptor type substrate 1
204358_s_at	2,0	Fibronectin leucine rich transmembrane protein 2
202308_at	2,0	Sterol regulatory element binding transcription factor 1
208353_x_at	2,0	Ankyrin 1, erythrocytic
200778_s_at	2,0	qe48g03.x1 Soares_fetal_lung_NbHL19W Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1742260 3' similar to SW:NED5_HUMAN Q15019 NEDD5 PROTEIN HOMOLOG.; mRNA sequence.
217949_s_at	2,0	Hypothetical protein IMAGE3455200
212527_at	2,0	Consensus includes gb:BF057059 /FEA=EST /DB_XREF=gi:10810955 /DB_XREF=est:7k15c07.x1 /CLONE=IMAGE:3444468 /UG=Hs.12421 hypothetical protein
217741_s_at	2,0	xv13g08.x1 Soares_NFL_T_GBC_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2813054 3' similar to TR:O76080 O76080 ZINC FINGER PROTEIN 216.; mRNA sequence.
211960_s_at	2,0	RAB7, member RAS oncogene family
203186_s_at	2,0	S100 calcium-binding protein A4 (calcium protein, calvasculin, metastasin, murine placental homolog)
213734_at	2,0	602372225F1 NIH_MGC_93 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4480039 5', mRNA sequence.
212048_s_at	2,0	601171610F1 NIH_MGC_15 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3545043 5', mRNA sequence.
203335_at	2,0	Phytanoyl-CoA hydroxylase (Refsum disease)
217770_at	2,0	CGI-06 protein
210039_s_at	2,0	Protein kinase C, theta
203089_s_at	2,0	Protease, serine, 25
203720_s_at	2,0	Excision repair cross-complementing rodent repair deficiency, complementation group 1 (includes overlapping antisense sequence)
202057_at	2,0	Karyopherin alpha 1 (importin alpha 5)
201950_x_at	1,9	Capping protein (actin filament) muscle Z-line, beta
201701_s_at	1,9	Progesterone receptor membrane component 2
202207_at	1,9	ADP-ribosylation factor-like 7
205752_s_at	1,9	Glutathione S-transferase M5
218034_at	1,9	CGI-135 protein
201426_s_at	1,9	wm90b11.x1 NCI_CGAP_Ut2 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2443197 3' similar to gb:Z19554 VIMENTIN (HUMAN); mRNA sequence.
65884_at	1,9	nq81c12.s1 NCI_CGAP_Co9 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1158742 3' similar to WP:T03G11.4 CE04872 MAN(9)-ALPHA-MANNOSIDASE.; mRNA sequence.
214021_x_at	1,9	ta93a09.x1 NCI_CGAP_Lu26 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2051608 3' similar to gb:J05633 INTEGRIN BETA-5 SUBUNIT PRECURSOR (HUMAN); mRNA sequence.
65438_at	1,9	zr35c05.r1 Soares_NhHMPu_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:665384 5' similar to contains element MER37 repetitive element.; mRNA sequence.
211956_s_at	1,9	601854870F1 NIH_MGC_57 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4074785 5', mRNA sequence.
217992_s_at	1,9	Hypothetical protein MGC4342
213898_at	1,9	xf36d11.x1 NCI_CGAP_Brn50 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2620149 3' similar to TR:O43251 O43251 HYPOTHETICAL 39.5 KD PROTEIN.; mRNA sequence.
214620_x_at	1,9	601459971F1 NIH_MGC_66 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3863609 5', mRNA sequence.
208898_at	1,9	ATPase, H+ transporting lysosomal (vacuolar proton pump), member M
218837_s_at	1,9	Ubiquitin-conjugating enzyme HBUCE1
202787_s_at	1,9	Mitogen-activated protein kinase-activated protein kinase 3
202058_s_at	1,9	Karyopherin alpha 1 (importin alpha 5)

ID	cf	Gen
203142_s_at	1,9	Adaptor-related protein complex 3, beta 1 subunit
202009_at	1,9	Protein tyrosine kinase 9-like (A6-related protein)
218095_s_at	1,9	TPA regulated locus
209378_s_at	1,9	tm25a06.x1 Soares_NFL_T_GBC_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2157586 3', mRNA sequence.
219283_at	1,9	HSPC067 protein
202254_at	1,9	KIAA0440 protein
211599_x_at	1,9	gb:U19348.1 /DEF=Human (tpr-met fusion) oncogene mRNA, complete cds. /FEA=mRNA /GEN=tprmet fusion /PROD=tpr-met fusion protein /DB_XREF=gi:625085 /FL=gb:U19348.1
212412_at	1,9	AV715767 DCB Homo sapiens cDNA clone DCBATH02 5', mRNA sequence.
201988_s_at	1,9	CAMP responsive element binding protein-like 2
218945_at	1,9	Hypothetical protein MGC2654
204295_at	1,9	Surfeit 1
200774_at	1,9	601657412R1 NIH_MGC_68 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3875738 3', mRNA sequence.
204248_at	1,9	Guanine nucleotide binding protein (G protein), alpha 11 (Gq class)
203309_s_at	1,9	Hermansky-Pudlak syndrome
207266_x_at	1,9	RNA binding motif, single stranded interacting protein 1
201223_s_at	1,9	RAD23 (S. cerevisiae) homolog B
202438_x_at	1,9	602018737F1 NCI_CGAP_Brn67 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4154216 5', mRNA sequence.
212189_s_at	1,9	DKFZP586E1519 protein
220305_at	1,9	gb:NM_024030.1 /DEF=Homo sapiens hypothetical protein MGC3260 (MGC3260), mRNA. /FEA=mRNA /GEN=MGC3260 /PROD=hypothetical protein MGC3260 /DB_XREF=gi:13128977 /UG=Hs.15514 hypothetical protein MGC3260 /FL=gb:BC000073.1 gb:NM_024030.1
208759_at	1,9	Nicastrin
201971_s_at	1,9	ATPase, H+ transporting, lysosomal (vacuolar proton pump), alpha polypeptide, 70kD, isoform 1
218898_at	1,9	Hypothetical protein FLJ22282
212256_at	1,9	601502550F1 NIH_MGC_70 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3904092 5', mRNA sequence.
201611_s_at	1,9	Isoprenylcysteine carboxyl methyltransferase
208675_s_at	1,9	Dolichyl-diphosphooligosaccharide-protein glycosyltransferase
202121_s_at	1,9	Putative breast adenocarcinoma marker (32kD)
213766_x_at	1,9	yy38e04.s1 Soares melanocyte 2NbHM Homo sapiens cDNA clone IMAGE:273534 3', mRNA sequence.
204303_s_at	1,9	KIAA0427 gene product
210305_at	1,9	Similar to rat myomegalin
218961_s_at	1,9	Polynucleotide kinase 3'-phosphatase
201423_s_at	1,9	DKFZp564B1169_s1 564 (synonym: hfbr2) Homo sapiens cDNA clone DKFZp564B1169 3', mRNA sequence.
214239_x_at	1,9	tn11b01.x1 NCI_CGAP_Brn25 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2167273 3', mRNA sequence.
201444_s_at	1,9	ATPase, H+ transporting, lysosomal (vacuolar proton pump) membrane sector associated protein M8-9
221479_s_at	1,9	BCL2/adenovirus E1B 19kD-interacting protein 3-like
201841_s_at	1,9	Heat shock 27kD protein 1
202059_s_at	1,9	Karyopherin alpha 1 (importin alpha 5)
201980_s_at	1,9	Ras suppressor protein 1
207972_at	1,9	Glycine receptor, alpha 1 (startle disease/hyperekplexia, stiff man syndrome)
214525_x_at	1,9	MutL (E. coli) homolog 3
212744_at	1,9	wk79d07.x1 NCI_CGAP_Pan1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2421613 3', mRNA sequence.
221216_s_at	1,9	Sex comb on midleg homolog 1
221007_s_at	1,9	Hypothetical protein DKFZp586K0717
212371_at	1,9	SEE ALSO
215507_x_at	1,9	SEE ALSO
214242_at	1,9	qd05d11.x1 Soares_placenta_8to9weeks_2NbHP8to9W Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1722837 3' similar to SW:MANX_MOUSE P39098 PROCESSING ALPHA-MANNOSIDASE ;, mRNA sequence.
207604_s_at	1,9	Solute carrier family 4, sodium bicarbonate cotransporter, member 7
220329_s_at	1,9	Hypothetical protein FLJ20627
222065_s_at	1,9	wj78g07.x1 NCI_CGAP_Lu19 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2408988 3' similar to TR:Q13045 Q13045 FLIGHTLESS-1 PROTEIN HOMOLOG. ;, mRNA sequence.
212680_x_at	1,9	601186685T1 NIH_MGC_15 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2959580 3', mRNA sequence.
218360_at	1,9	RAB22A, member RAS oncogene family
204163_at	1,9	Elastin microfibril interface located protein
219997_s_at	1,9	COP9 (constitutive photomorphogenic, Arabidopsis, homolog) subunit 7B
200946_x_at	1,9	qt01g12.x1 NCI_CGAP_GC4 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1946374 3' similar to gb:M20867 GLUTAMATE DEHYDROGENASE PRECURSOR (HUMAN);, mRNA sequence.
213901_x_at	1,9	xf36d11.x1 NCI_CGAP_Brn50 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2620149 3' similar to TR:O43251 O43251 HYPOTHETICAL 39.5 KD PROTEIN. ;, mRNA sequence.
219147_s_at	1,9	Hypothetical protein FLJ20559
213293_s_at	1,9	zn32e02.s1 Stratagene endothelial cell 937223 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:549146 3', mRNA sequence.
201781_s_at	1,9	AL558532 LTI_NFL008_TC2 Homo sapiens cDNA clone CS0DJ006YJ15 5 prime, mRNA sequence.
201989_s_at	1,9	CAMP responsive element binding protein-like 2
204085_s_at	1,9	Ceroid-lipofuscinosis, neuronal 5
208750_s_at	1,9	nl79c05.s1 NCI_CGAP_Br2 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1056872 3' similar to gb:M36340 ADP-RIBOSYLATION FACTOR 1 (HUMAN);, mRNA sequence.
203137_at	1,9	Wilms' tumour 1-associating protein
219288_at	1,9	HT021
208781_x_at	1,9	Sorting nexin 3
203735_x_at	1,9	yy28c08.s1 Soares melanocyte 2NbHM Homo sapiens cDNA clone IMAGE:272558 3' similar to contains Alu repetitive element;,, mRNA sequence.
205740_s_at	1,9	Hypothetical protein MGC10433
204031_s_at	1,9	Poly(rC)-binding protein 2
202722_s_at	1,9	Glutamine-fructose-6-phosphate transaminase 1
203988_s_at	1,9	Fucosyltransferase 8 (alpha (1,6) fucosyltransferase)

ID	cf	Gen
201349_at	1,9	Solute carrier family 9 (sodium/hydrogen exchanger), isoform 3 regulatory factor 1
210904_s_at	1,9	Interleukin 13 receptor, alpha 1
214150_x_at	1,9	hk39a01.y1 NCI_CGAP_Ov34 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2999016 5', mRNA sequence.
219242_at	1,9	Hypothetical protein FLJ13386
205905_s_at	1,9	MHC class I polypeptide-related sequence A
202046_s_at	1,9	Glucocorticoid receptor DNA binding factor 1
203054_s_at	1,9	T-cell leukemia translocation altered gene
216620_s_at	1,9	Rho guanine nucleotide exchange factor (GEF) 10
221696_s_at	1,9	Hypothetical protein DKFZp761P1010
43934_at	1,9	zv21d09.r1 Soares_NhHMPu_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:754289 5', mRNA sequence.
215772_x_at	1,9	Succinate-CoA ligase, GDP-forming, beta subunit
64440_at	1,9	tq52d02.x1 NCI_CGAP_Ut1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2212419 3', mRNA sequence.
218072_at	1,9	HSPC166 protein
217891_at	1,9	Hypothetical protein FLJ13868
209538_at	1,9	Zinc finger protein 32 (KOX 30)
201336_at	1,9	Vesicle-associated membrane protein 3 (cellubrevin)
213530_at	1,9	ox97e08.x1 Soares_senescent_fibroblasts_NbHSF Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1664294 3', mRNA sequence.
217766_s_at	1,9	Small membrane protein 1
204929_s_at	1,9	Vesicle-associated membrane protein 5 (myobrevin)
203001_s_at	1,9	Stathmin-like 2
210041_s_at	1,9	N-acetylglucosamine-phosphate mutase
208751_at	1,9	N-ethylmaleimide-sensitive factor attachment protein, alpha
202365_at	1,9	Hypothetical protein MGC5139
213132_s_at	1,9	Consensus includes gb:AL022237 /DEF=Human DNA sequence from clone CTB-1191B2 on chromosome 22q13.2-13.3 Contains part of the BIK (NBK, BP4, BIP1) gene for BCL2-interacting killer (apoptosis-inducing), a 40S Ribosomal Protein S25 pseudogene and part of a
212194_s_at	1,9	Consensus includes gb:A1418892 /FEA=EST /DB_XREF=gi:4264823 /DB_XREF=est:tf43c01.x1 /CLONE=IMAGE:2098944 /UG=Hs.79305 KIAA0255 gene product
210006_at	1,9	DKFZP564O243 protein
203364_s_at	1,9	KIAA0652 gene product
209350_s_at	1,9	G protein pathway suppressor 2
209375_at	1,9	Xeroderma pigmentosum, complementation group C
212359_s_at	1,9	zh69b03.s1 Soares_fetal_liver_spleen_1NFLS_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:417293 3', mRNA sequence.
209501_at	1,9	AL582414 LTI_NFL010_BC2 Homo sapiens cDNA clone CS0DL001YM17 3 prime, mRNA sequence.
201716_at	1,9	Sorting nexin 1
210685_s_at	1,9	Ubiquitination factor E4B (homologous to yeast UFD2)
218858_at	1,9	Hypothetical protein FLJ12428
201192_s_at	1,9	Phosphatidylinositol transfer protein
213906_at	1,9	hf48e04.x1 Soares_NFL_T_GBC_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2935134 3', mRNA sequence.
200796_s_at	1,9	Myeloid cell leukemia sequence 1 (BCL2-related)
203733_at	1,9	MYLE protein
209682_at	1,9	Cas-Br-M (murine) ectropic retroviral transforming sequence b
201007_at	1,9	Hydroxyacyl-Coenzyme A dehydrogenase/3-ketoacyl-Coenzyme A thiolase/enoyl-Coenzyme A hydratase (trifunctional protein), beta subunit
52164_at	1,9	zm50e09.s1 Stratagene fibroblast (#937212) Homo sapiens cDNA clone IMAGE:529096 3', mRNA sequence.
205084_at	1,9	B-cell receptor-associated protein BAP29
203890_s_at	1,9	602140792F1 NIH_MGC_46 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4301998 5', mRNA sequence.
205279_s_at	1,9	Glycine receptor, beta
217817_at	1,9	601435490F1 NIH_MGC_72 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3920590 5', mRNA sequence.
219691_at	1,9	Hypothetical protein FLJ20073
212312_at	1,9	Consensus includes gb:AL117381 /DEF=Human DNA sequence from clone RP5-857M17 on chromosome 20 Contains ESTs, STSs, GSSs and CpG islands. Contains the 3 part of the ID1 gene for inhibitor of DNA binding 1 (dominant negative helix-loop-helix protein), a gen
200695_at	1,9	Protein phosphatase 2 (formerly 2A), regulatory subunit A (PR 65), alpha isoform
202770_s_at	1,9	Cyclin G2
201245_s_at	1,9	AL523776 LTI_NFL003_NBC3 Homo sapiens cDNA clone CS0DC003YC23 5 prime, mRNA sequence.
215794_x_at	1,9	match to P49448 (PID:g1352260); H_DJ0296G17.1; Homo sapiens PAC clone RP1-296G17 from Xq23, complete sequence.
201156_s_at	1,9	RAB5C, member RAS oncogene family
217484_at	1,9	Complement component (3b/4b) receptor 1, including Knops blood group system
218519_at	1,9	Hypothetical protein FLJ20730
213340_s_at	1,9	KIAA0495
210028_s_at	1,9	Origin recognition complex, subunit 3 (yeast homolog)-like
208503_s_at	1,9	Hypothetical protein RG083M05.2
209179_s_at	1,9	Leukocyte receptor cluster (LRC) member 4
212859_x_at	1,9	601885414F1 NIH_MGC_57 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4103955 5', mRNA sequence.
201415_at	1,9	Glutathione synthetase
218801_at	1,9	UDP-glucose ceramide glucosyltransferase-like 2
203383_s_at	1,9	602285419F1 NIH_MGC_86 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4372612 5', mRNA sequence.
214679_x_at	1,9	SEE ALSO
34406_at	1,9	Homo sapiens mRNA for KIAA0602 protein, partial cds.
202958_at	1,9	Protein tyrosine phosphatase, non-receptor type 9
218301_at	1,9	Arginyl aminopeptidase (aminopeptidase B)-like 1
211961_s_at	1,9	RAB7, member RAS oncogene family
208874_x_at	1,9	Protein phosphatase 2A, regulatory subunit B' (PR 53)
217796_s_at	1,9	Hypothetical protein FLJ20657
211941_s_at	1,9	602142728F1 NIH_MGC_46 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4303902 5', mRNA sequence.

ID	cf	Gen
211780_x_at	1,9	Dynactin 1 (p150, Glued (<i>Drosophila</i>) homolog)
201190_s_at	1,9	ym27b09.s1 Soares infant brain 1NIB Homo sapiens cDNA clone IMAGE:49287 3', mRNA sequence.
215690_x_at	1,9	Anchor attachment protein 1 (Gaa1p, yeast) homolog
215708_s_at	1,9	isoform 1 match: proteins: Tr:O89044 Sw:P49643 Sw:P33610 Tr:Q9US83; isoform 2 continues in dJ71H19 (AL121958), gene dJ71H19.1 match: proteins: Tr:O89044 Sw:P49643 Tr:Q9US83; Human DNA sequence from clone RP3-422B11 on chromosome 6p11.2-12.3 Contains ESTs, STSs and GSSs. Contains part of the PRIM2A gene for two isoforms of DNA primase large subunit (polypeptide 2A, p58), complete sequence.
201618_x_at	1,9	Anchor attachment protein 1 (Gaa1p, yeast) homolog
210868_s_at	1,9	Hypothetical protein MGC5487
200739_s_at	1,9	602436260F1 NIH_MGC_46 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4554278 5', mRNA sequence.
202582_s_at	1,9	RAN binding protein 9
212757_s_at	1,9	7l74d02.x1 Soares_NSF_F8_9W_OT_PA_P_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3527090 3', mRNA sequence.
217927_at	1,9	Signal peptidase 12kDa
212567_s_at	1,9	AL523310 LTI_NFL003_NBC3 Homo sapiens cDNA clone CS0DC001YN06 3 prime, mRNA sequence.
219929_s_at	1,9	Hypothetical protein MGC2550
207565_s_at	1,9	Major histocompatibility complex, class I-like sequence
212724_at	1,9	nac90f11.x1 NCI_CGAP_Brn23 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3441573 3', mRNA sequence.
202772_at	1,9	3-hydroxymethyl-3-methylglutaryl-Coenzyme A lyase (hydroxymethylglutaricaciduria)
204710_s_at	1,9	DKFZP434J154 protein
220908_at	1,8	Hypothetical protein FLJ23168
214500_at	1,8	H2A histone family, member Y
217867_x_at	1,8	Beta-site APP-cleaving enzyme 2
210255_at	1,8	RAD51 (<i>S. cerevisiae</i>)-like 1
202449_s_at	1,8	Retinoid X receptor, alpha
204663_at	1,8	Malic enzyme 3, NADP(+)-dependent, mitochondrial
218198_at	1,8	DEAD/H (Asp-Glu-Ala-Asp/His) box polypeptide 32
202225_at	1,8	V-crk avian sarcoma virus CT10 oncogene homolog
217765_at	1,8	Nuclear receptor binding protein
209410_s_at	1,8	Growth factor receptor-bound protein 10
209893_s_at	1,8	Fucosyltransferase 4 (alpha (1,3) fucosyltransferase, myeloid-specific)
208945_s_at	1,8	Beclin 1 (coiled-coil, myosin-like BCL2-interacting protein)
210540_s_at	1,8	UDP-Gal:betaGlcNAc beta 1,4-galactosyltransferase, polypeptide 4
202788_at	1,8	Mitogen-activated protein kinase-activated protein kinase 3
202052_s_at	1,8	Retinoic acid induced 14
217717_s_at	1,8	601854744F1 NIH_MGC_57 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4074659 5', mRNA sequence.
220033_at	1,8	Hypothetical protein FLJ21031
205324_s_at	1,8	FtsJ homolog 1 (<i>E. coli</i>)
217457_s_at	1,8	RAP1, GTP-GDP dissociation stimulator 1
202916_s_at	1,8	KIAA0475 gene product
217430_x_at	1,8	Collagen, type I, alpha 1
218097_s_at	1,8	Hypothetical protein MGC2491
202314_at	1,8	Cytochrome P450, 51 (lanosterol 14-alpha-demethylase)
218351_at	1,8	Hypothetical protein FLJ20502
201572_x_at	1,8	DCMP deaminase
214924_s_at	1,8	KIAA1042 protein
217827_s_at	1,8	Acid cluster protein 33
204530_s_at	1,8	KIAA0808 gene product
204797_s_at	1,8	Echinoderm microtubule-associated protein-like
212653_s_at	1,8	KIAA0903 protein
203894_at	1,8	Tubulin, gamma 2
221253_s_at	1,8	Hypothetical protein MGC3178
212692_s_at	1,8	zd26a07.s1 Soares_fetal_heart_NbHH19W Homo sapiens cDNA clone IMAGE:341748 3', mRNA sequence.
200059_s_at	1,8	Ras homolog gene family, member A
201059_at	1,8	Ems1 sequence (mammary tumor and squamous cell carcinoma-associated (p80/85 src substrate))
209190_s_at	1,8	Diaphanous (<i>Drosophila</i> , homolog) 1
212334_at	1,8	xg56d07.x1 NCI_CGAP_Ut4 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2632333 3', mRNA sequence.
211631_x_at	1,8	gb:M22921.1 /DEF=Human beta 1,4-galactosyl-transferase mRNA, complete cds. /FEA=mRNA /DB_XREF=gi:183670 /FL=gb:M22921.1
202358_s_at	1,8	602506096F1 NIH_MGC_79 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4603630 5', mRNA sequence.
203363_s_at	1,8	AU153525 NT2RP3 Homo sapiens cDNA clone NT2RP3003369 3', mRNA sequence.
202510_s_at	1,8	Tumor necrosis factor, alpha-induced protein 2
215090_x_at	1,8	Aminopeptidase puromycin sensitive
209011_at	1,8	Triple functional domain (PTPRF interacting)
213195_at	1,8	ty65d07.x1 NCI_CGAP_Kid11 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2283949 3' similar to contains MER22.b1 MER22 repetitive element ;, mRNA sequence.
201871_s_at	1,8	ORF
202865_at	1,8	DnaJ (Hsp40) homolog, subfamily B, member 12
212276_at	1,8	Lipin 1
210740_s_at	1,8	Inositol 1,3,4-triphosphate 5/6 kinase
214880_x_at	1,8	Caldesmon 1
205417_s_at	1,8	Dystroglycan 1 (dystrophin-associated glycoprotein 1)
210151_s_at	1,8	Dual-specificity tyrosine-(Y)-phosphorylation regulated kinase 3
202359_s_at	1,8	KIAA0254 gene product
201927_s_at	1,8	Plakophilin 4
212040_at	1,8	SEE ALSO
208636_at	1,8	oz52g10.x1 Soares_senescent_fibroblasts_NbHSF Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1679010 3' similar to gb:M95178

ID	cf	Gen
		ALPHA-ACTININ 1, CYTOSKELETAL ISOFORM (HUMAN);, mRNA sequence.
218377_s_at	1,8	Chromosome 21 open reading frame 6
200836_s_at	1,8	Microtubule-associated protein 4
205399_at	1,8	Doublecortin and CaM kinase-like 1
205011_at	1,8	Loss of heterozygosity, 11, chromosomal region 2, gene A
202406_s_at	1,8	TIA1 cytotoxic granule-associated RNA-binding protein-like 1
212054_x_at	1,8	KIAA0676 protein
202590_s_at	1,8	AL574319 LTI_NFL006_PL2 Homo sapiens cDNA clone CS0DI057YO23 3 prime, mRNA sequence.
200702_s_at	1,8	602451696F1 NIH_MGC_14 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4590215 5', mRNA sequence.
207089_at	1,8	Ankyrin 1, erythrocytic
202453_s_at	1,8	General transcription factor IIH, polypeptide 1 (62kD subunit)
203572_s_at	1,8	TAF6 RNA polymerase II, TATA box binding protein (TBP)-associated factor, 80 kD
203226_s_at	1,8	AL514076 LTI_NFL006_PL2 Homo sapiens cDNA clone CL0BA004ZB05 5 prime, mRNA sequence.
218225_at	1,8	ECSIT
214724_at	1,8	KIAA1735 protein
202260_s_at	1,8	Syntaxin binding protein 1
221515_s_at	1,8	Leucine carboxyl methyltransferase
209584_x_at	1,8	SEE ALSO
203136_at	1,8	Rab acceptor 1 (prenylated)
201096_s_at	1,8	AL537042 LTI_FL013_FBrn1 Homo sapiens cDNA clone CS0DF017YF17 5 prime, mRNA sequence.
208678_at	1,8	ATPase, H+ transporting, lysosomal (vacuolar proton pump) 31kD
AFFX-HSAC07/X00351_5_at	1,8	beta-actin; Human mRNA for beta-actin.
201186_at	1,8	Low density lipoprotein-related protein-associated protein 1 (alpha-2-macroglobulin receptor-associated protein 1)
221059_s_at	1,8	Carbohydrate (N-acetylglucosamine 6-O) sulfotransferase 6
205112_at	1,8	Pancreas-enriched phospholipase C
201855_s_at	1,8	KIAA0431 protein
218146_at	1,8	Glycosyltransferase AD-017
207319_s_at	1,8	Cell division cycle 2-like 5 (cholinesterase-related cell division controller)
205991_s_at	1,8	Paired mesoderm homeo box 1
212838_at	1,8	KIAA1010 protein
214730_s_at	1,8	Golgi apparatus protein 1
203650_at	1,8	Protein C receptor, endothelial (EPCR)
201142_at	1,8	nn22h05.s1 NCI_CGAP_Co12 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1084665 3', mRNA sequence.
214074_s_at	1,8	602491364F1 NIH_MGC_20 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4620519 5', mRNA sequence.
243_g_at	1,8	MAP 4; putative; Human microtubule-associated protein 4 mRNA, complete cds.
210101_x_at	1,8	SH3-domain, GRB2-like, endophilin B1
210933_s_at	1,8	Hypothetical protein MGC4655
218144_s_at	1,8	Hypothetical protein FLJ22056
208625_s_at	1,8	Eukaryotic translation initiation factor 4 gamma, 1
207438_s_at	1,8	RNA, U transporter 1
201738_at	1,8	Translation factor suil1 homolog
219457_s_at	1,8	Hypothetical protein FLJ22439
210859_x_at	1,8	Ceroid-lipofuscinosis, neuronal 3, juvenile (Batten, Spielmeier-Vogt disease)
202855_s_at	1,8	AL513917 LTI_NFL006_PL2 Homo sapiens cDNA clone CL0BA006ZD09 3 prime, mRNA sequence.
215068_s_at	1,8	Hypothetical protein FLJ11467
217837_s_at	1,8	CGI-149 protein
203102_s_at	1,8	Mannosyl (alpha-1,6-)-glycoprotein beta-1,2-N-acetylglucosaminyltransferase
202536_at	1,8	DKFZP564O123 protein
210844_x_at	1,8	Catenin (cadherin-associated protein), alpha 1 (102kD)
202055_at	1,8	Karyopherin alpha 1 (importin alpha 5)
202030_at	1,8	Branched chain alpha-ketoacid dehydrogenase kinase
204632_at	1,8	Ribosomal protein S6 kinase, 90kD, polypeptide 4
213041_s_at	1,8	601583226F1 NIH_MGC_7 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3937495 5', mRNA sequence.
217751_at	1,8	Glutathione S-transferase subunit 13 homolog
213059_at	1,8	Old astrocyte specifically induced substance
36566_at	1,8	Homo sapiens mRNA for cystinosin.
217540_at	1,8	nx89g05.s1 NCI_CGAP_GCB1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1269464 3', mRNA sequence.
201494_at	1,8	Prolylcarboxypeptidase (angiotensinase C)
219496_at	1,8	Hypothetical protein FLJ21870
207467_x_at	1,8	Calpastatin
218051_s_at	1,8	Hypothetical protein FLJ12442
217763_s_at	1,8	RAB31, member RAS oncogene family
201087_at	1,8	Paxillin
200765_x_at	1,8	Catenin (cadherin-associated protein), alpha 1 (102kD)
221824_s_at	1,8	ah84d09.s1 Soares_testis_NHT Homo sapiens cDNA clone 1322321 3' similar to gb:J05016 PROTEIN DISULFIDE ISOMERASE-RELATED PROTEIN PRECURSOR (HUMAN);, mRNA sequence.
213102_at	1,8	HSZ78330 Human fetal brain S. Meier-Ewert Homo sapiens cDNA clone 2.49 (CEPH), mRNA sequence.
202476_s_at	1,8	7g99f03.x1 NCI_CGAP_Co16 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3314621 3' similar to TR:O43632 O43632 SPINDLE POLE BODY PROTEIN SPC97 HOMOLOG. ;contains Alu repetitive element; mRNA sequence.
213591_at	1,8	AU149534 NT2RM4 Homo sapiens cDNA clone NT2RM4002512 3', mRNA sequence.
222258_s_at	1,8	SH3-domain binding protein 4
218833_at	1,8	Sterile-alpha motif and leucine zipper containing kinase AZK
219889_at	1,8	Frequently rearranged in advanced T-cell lymphomas
208919_s_at	1,8	NAD kinase

ID	cf	Gen
202417_at	1,8	Kelch-like ECH-associated protein 1
204903_x_at	1,8	KIAA0943 protein
211934_x_at	1,8	zh68c04.s1 Soares_fetal_liver_spleen_1NFLS_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:417222 3', mRNA sequence.
212644_s_at	1,8	wa05e06.x1 NCI_CGAP_Kid11 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2297218 3', mRNA sequence.
208865_at	1,8	602553366F1 NIH_MGC_77 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4662880 5', mRNA sequence.
214255_at	1,8	ATPase, Class V, type 10C
218284_at	1,8	DKFZP586N0721 protein
208657_s_at	1,8	MLL septin-like fusion
205807_s_at	1,8	Tuftelin 1
AFFX-LysX-5_at	1,8	diaminopimelate decarboxylase (AA 1-327); Bacillus subtilis lys gene for diaminopimelate decarboxylase (EC 4.1.1.20).
218162_at	1,8	HNOEL-iso protein
201039_s_at	1,8	602078949F2 NIH_MGC_62 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4253100 5', mRNA sequence.
218571_s_at	1,8	HSFPC134 protein
215533_s_at	1,8	Ubiquitination factor E4B (homologous to yeast UFD2)
202537_s_at	1,8	DKFZP564O123 protein
204668_at	1,8	Consensus includes gb:AL031670 /DEF=Human DNA sequence from clone RP4-681N20 on chromosome 20p12.1-13 Contains a gene similar to FTLL1(ferritin, light polypeptide-like 1), a gene similar to Zinc finger, C3HC4 type (RING finger), weakly similar to SW:GOLI_
216267_s_at	1,8	601458947F1 NIH_MGC_66 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3862474 5', mRNA sequence.
206567_s_at	1,8	Hepatocellular carcinoma-associated antigen 58
202719_s_at	1,8	Testis derived transcript (3 LIM domains)
219179_at	1,8	Heptacellular carcinoma novel gene-3 protein
203871_at	1,8	Sentrin/SUMO-specific protease 3
208912_s_at	1,8	2',3'-cyclic nucleotide 3' phosphodiesterase
217346_at	1,8	Consensus includes gb:AL021395 /DEF=Human DNA sequence from clone RP1-269M15 on chromosome 20q12-13.12 Contains a gene similar to peptidylprolyl isomerase (cyclophilin), part of the gene for receptor protein tyrosine phosphatase (RPTP-rho), ESTs, STSs, GS
213944_x_at	1,8	naf25h11.x1 Soares_NPBMC Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4142085 3' similar to contains MSR1.t2 MSR1 repetitive element ;, mRNA sequence.
212228_s_at	1,8	Consensus includes gb:AC004382 /DEF=Homo sapiens Chromosome 16 BAC clone CIT987SK-A-152E5 /FEA=mRNA_8 /DB_XREF=gi:3252819 /UG=Hs.4288 hypothetical protein DKFZp434K046
219924_s_at	1,8	Zinc finger protein 258
200663_at	1,8	CD63 antigen (melanoma 1 antigen)
221471_at	1,8	xj10a08.x1 NCI_CGAP_Ut2 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2656790 3', mRNA sequence.
202616_s_at	1,8	ts93b07.x1 NCI_CGAP_GC6 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2238805 3', mRNA sequence.
200764_s_at	1,8	wk75f03.x1 NCI_CGAP_Pan1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2421245 3' similar to gb:L23805 ALPHA-CATENIN (HUMAN);, mRNA sequence.
208022_s_at	1,8	gb:NM_003671.1 /DEF=Homo sapiens CDC14 (cell division cycle 14, S. cerevisiae) homolog B (CDC14B), mRNA. /FEA=mRNA /GEN=CDC14B /PROD=S. cerevisiae CDC14 homolog, gene B /DB_XREF=gi:4502698 /FL=gb:NM_003671.1
208743_s_at	1,8	Tyrosine 3-monooxygenase/tryptophan 5-monooxygenase activation protein, beta polypeptide
221064_s_at	1,8	Hypothetical protein FLJ23360
220299_at	1,8	Hypothetical protein
203748_x_at	1,8	RNA binding motif, single stranded interacting protein 1
208749_x_at	1,8	Flotillin 1
208656_s_at	1,8	Cyclin I
200684_s_at	1,8	Ubiquitin-conjugating enzyme E2L 3
205480_s_at	1,8	UDP-glucose pyrophosphorylase 2
218262_at	1,8	Hypothetical protein FLJ22318
217813_s_at	1,8	Spindlin
211815_s_at	1,8	ADP-ribosylation factor-binding protein GGA3
201398_s_at	1,7	Translocating chain-associating membrane protein
217699_at	1,7	AV700338 GKC Homo sapiens cDNA clone GKCAMH12 3', mRNA sequence.
201933_at	1,7	Procollagen (type III) N-endopeptidase
209632_at	1,7	Protein phosphatase 2 (formerly 2A), regulatory subunit B" (PR 72), alpha isoform and (PR 130), beta isoform
214913_at	1,7	A disintegrin-like and metalloprotease (repolysin type) with thrombospondin type 1 motif, 3
201940_at	1,7	aj62b12.s1 Soares_testis_NHT Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1394879 3', mRNA sequence.
212421_at	1,7	KIAA0930 protein
202717_s_at	1,7	CDC16 (cell division cycle 16, S. cerevisiae, homolog)
202322_s_at	1,7	Geranylgeranyl diphosphate synthase 1
211866_x_at	1,7	Hemochromatosis
202249_s_at	1,7	AU146233 HEMBA1 Homo sapiens cDNA clone HEMBA1007223 3', mRNA sequence.
201662_s_at	1,7	Fatty-acid-Coenzyme A ligase, long-chain 3
201526_at	1,7	ADP-ribosylation factor 5
218282_at	1,7	Hypothetical protein FLJ10783
211783_s_at	1,7	Metastasis associated 1
202640_s_at	1,7	RAN binding protein 3
210432_s_at	1,7	Sodium channel, voltage-gated, type III, alpha polypeptide
202100_at	1,7	602324650F1 NIH_MGC_89 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4427484 5', mRNA sequence.
54970_at	1,7	ak40h05.s1 Soares_testis_NHT Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1408473 3', mRNA sequence.
217727_x_at	1,7	Vacuolar protein sorting 35 (yeast homolog)
205515_at	1,7	Protease, serine, 12 (neurotrypsin, motopsin)
209001_s_at	1,7	DKFZP566D193 protein
210186_s_at	1,7	FK506-binding protein 1A (12kD)
201000_at	1,7	Alanyl-tRNA synthetase
220161_s_at	1,7	EHM2 gene

ID	cf	Gen
204819_at	1,7	Faciogenital dysplasia (Aarskog-Scott syndrome)
209155_s_at	1,7	5'-nucleotidase (purine), cytosolic type B
220610_s_at	1,7	Leucine rich repeat (in FLII) interacting protein 2
209951_s_at	1,7	Mitogen-activated protein kinase kinase 7
212891_s_at	1,7	Similar to RIKEN cDNA 2310040G17 gene
218028_at	1,7	Elongation of very long chain fatty acids (FEN1/Elo2, SUR4/Elo3, yeast)-like 1
202088_at	1,7	ts65a01.x1 NCI_CGAP_Kid8 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2233416 3', mRNA sequence.
219182_at	1,7	Hypothetical protein FLJ22167
212673_at	1,7	Methionyl aminopeptidase 1
35265_at	1,7	Human fragile X mental retardation syndrome related protein (FXR2) mRNA, complete cds.
221991_at	1,7	Neurexophilin 3
201889_at	1,7	Predicted osteoblast protein
201646_at	1,7	al58h03.s1 Soares_NFL_T_GBC_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1461557 3' similar to contains Alu repetitive element;; mRNA sequence.
204088_at	1,7	Purinergic receptor P2X, ligand-gated ion channel, 4
201620_at	1,7	Membrane-bound transcription factor protease, site 1
209149_s_at	1,7	601681419F1 NIH_MGC_9 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3951724 5', mRNA sequence.
209390_at	1,7	Tuberous sclerosis 1
213934_s_at	1,7	AL567808 LTI_FL013_FBrn1 Homo sapiens cDNA clone CS0DF033YC17 3 prime, mRNA sequence.
202897_at	1,7	Protein tyrosine phosphatase, non-receptor type substrate 1
206335_at	1,7	Galactosamine (N-acetyl)-6-sulfate sulfatase (Morquio syndrome, mucopolysaccharidosis type IVA)
222125_s_at	1,7	Hypothetical protein FLJ20262
217997_at	1,7	nm82d08.s1 NCI_CGAP_Co9 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1074735 3', mRNA sequence.
219151_s_at	1,7	RAB, member of RAS oncogene family-like 2B
200076_s_at	1,7	Hypothetical protein MGC2749
212414_s_at	1,7	Septin 6
208030_s_at	1,7	gb:NM_001119.2 /DEF=Homo sapiens adducin 1 (alpha) (ADD1), transcript variant 1, mRNA. /FEA=mRNA /GEN=ADD1 /PROD=adducin 1 (alpha) isoform a /DB_XREF=gi:7710113 /FL=gb:NM_001119.2
207231_at	1,7	KIAA0675 gene product
203557_s_at	1,7	6-pyruvoyl-tetrahydropterin synthase/dimerization cofactor of hepatocyte nuclear factor 1 alpha (TCF1)
213009_s_at	1,7	Tripartite motif-containing 37
213590_at	1,7	zf40a01.s1 Soares_fetal_heart_NbHH19W Homo sapiens cDNA clone IMAGE:379368 3', mRNA sequence.
212300_at	1,7	Human DNA sequence from clone RP4-622L5 on chromosome 1p34.2-36.11, complete sequence.
210880_s_at	1,7	Signal transduction protein (SH3 containing)
201542_at	1,7	SAR1 protein
207173_x_at	1,7	Cadherin 11, type 2, OB-cadherin (osteoblast)
212019_at	1,7	DKFZP564M182 protein
218969_at	1,7	CGI-136 protein
208940_at	1,7	SELENOPHOSPHATE SYNTHETASE ; Human selenium donor protein
32209_at	1,7	Homo sapiens clone 24574 mRNA sequence.
202154_x_at	1,7	Tubulin, beta, 4
210195_s_at	1,7	Pregnancy specific beta-1-glycoprotein 1
219338_s_at	1,7	Hypothetical protein FLJ20156
213788_s_at	1,7	we10f09.x1 NCI_CGAP_Lu24 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2340713 3' similar to contains MER22.b1 MER22 repetitive element ;; mRNA sequence.
212771_at	1,7	AU150943 NT2RP2 Homo sapiens cDNA clone NT2RP2003984 3', mRNA sequence.
219469_at	1,7	Hypothetical protein FLJ11756
219798_s_at	1,7	Hypothetical protein FLJ20257
209275_s_at	1,7	Ceroid-lipofuscinosis, neuronal 3, juvenile (Batten, Spielmeier-Vogt disease)
200804_at	1,7	Testis enhanced gene transcript (BAX inhibitor 1)
212464_s_at	1,7	Fibronectin 1
201760_s_at	1,7	CS box-containing WD protein
200709_at	1,7	FK506-binding protein 1A (12kD)
208296_x_at	1,7	TNF-induced protein
218276_s_at	1,7	WW Domain-Containing Gene
203573_s_at	1,7	Rab geranylgeranyltransferase, alpha subunit
217746_s_at	1,7	Programmed cell death 6-interacting protein
201601_x_at	1,7	Interferon induced transmembrane protein 1 (9-27)
214771_x_at	1,7	KIAA0864 protein
209941_at	1,7	Receptor (TNFRSF)-interacting serine-threonine kinase 1
36907_at	1,7	Homo sapiens mevalonate kinase mRNA, complete cds.
221435_x_at	1,7	Hypothetical protein HT036
213131_at	1,7	yc96b12.s1 Soares infant brain 1NIB Homo sapiens cDNA clone IMAGE:23744 3', mRNA sequence.
211060_x_at	1,7	Anchor attachment protein 1 (Gaa1p, yeast) homolog
212958_x_at	1,7	ow54e04.s1 Soares_parathyroid_tumor_NbHPA Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1650654 3' similar to gb:M37721 PEPTIDYL-GLYCINE ALPHA-AMIDATING MONOOXYGENASE PRECURSOR (HUMAN);; mRNA sequence.
216205_s_at	1,7	Mitofusin 2
204099_at	1,7	SWI/SNF related, matrix associated, actin dependent regulator of chromatin, subfamily d, member 3
217780_at	1,7	PTD008 protein
57532_at	1,7	UI-H-B10p-abl-h-10-0-UI.s1 NCI_CGAP_Sub2 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2712427 3', mRNA sequence.
219613_s_at	1,7	Sirtuin (silent mating type information regulation 2, S. cerevisiae, homolog) 6
220398_at	1,7	Hypothetical protein MGC4170
202477_s_at	1,7	Gamma-tubulin complex protein 2
213741_s_at	1,7	602135301F1 NIH_MGC_81 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4290312 5', mRNA sequence.
211759_x_at	1,7	Cytoskeleton-associated protein 1
212702_s_at	1,7	KIAA0699 protein

ID	cf	Gen
209043_at	1,7	3'-phosphoadenosine 5'-phosphosulfate synthase 1
214626_s_at	1,7	KIAA0088 protein
203450_at	1,7	Chromosome 22 open reading frame 2
203933_at	1,7	KIAA0665 gene product
212262_at	1,7	Homolog of mouse quaking QKI (KH domain RNA binding protein)
203921_at	1,7	Carbohydrate (N-acetylglucosamine-6-O) sulfotransferase 2
209280_at	1,7	Endocytic receptor (macrophage mannose receptor family)
210647_x_at	1,7	Phospholipase A2, group VI (cytosolic, calcium-independent)
205961_s_at	1,7	gb:NM_004682.1 /DEF=Homo sapiens PC4 and SFRS1 interacting protein 2 (PSIP2), mRNA. /FEA=mRNA /GEN=PSIP2 /PROD=PC4 and SFRS1 interacting protein 2 /DB_XREF=gi:4758869 /UG=Hs.306179 PC4 and SFRS1 interacting protein 2 /FL=gb:AF098483.1 gb:NM_004682.1
221474_at	1,7	Myosin regulatory light chain
36554_at	1,7	start position 1; start position 2; Homo sapiens ASMTL gene.
209298_s_at	1,7	Intersectin 1 (SH3 domain protein)
218572_at	1,7	HSPC134 protein
204392_at	1,7	Calcium/calmodulin-dependent protein kinase I
209912_s_at	1,7	qz96b07.x1 Soares_pregnant_uterus_NbHPU Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2042389 3' similar to contains MER22.t3 MSR1 repetitive element ;, mRNA sequence.
220945_x_at	1,7	Hypothetical protein FLJ10298
212506_at	1,7	DKFZp586N0217_s1 586 (synonym: hute1) Homo sapiens cDNA clone DKFZp586N0217 3', mRNA sequence.
201729_s_at	1,7	KIAA0100 gene product
203059_s_at	1,7	3'-phosphoadenosine 5'-phosphosulfate synthase 2
213361_at	1,7	xe19e10.x1 NCI_CGAP_Ut4 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2607594 3', mRNA sequence.
201439_at	1,7	Golgi-specific brefeldin A resistance factor 1
203512_at	1,7	Similar to yeast BET3 (S. cerevisiae)
201260_s_at	1,7	Synaptophysin-like protein
218167_at	1,7	Hypothetical protein
209383_at	1,7	DNA-damage-inducible transcript 3
215084_s_at	1,7	Consensus includes gb:AL031427 /DEF=Human DNA sequence from clone 167A19 on chromosome 1p32.1-33. Contains three genes for novel proteins, the DIO1 gene for type I iodothyronine deiodinase (EC 3.8.1.4, TXDI1, ITDI1) and an HNRNP A3 (Heterogenous Nuclear R
213101_s_at	1,7	HSZ78330 Human fetal brain S. Meier-Ewert Homo sapiens cDNA clone 2.49 (CEPH), mRNA sequence.
214119_s_at	1,7	wp69c11.x1 NCI_CGAP_Brn25 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2467028 3' similar to gb:M34539 FK506-BINDING PROTEIN (HUMAN);, mRNA sequence.
205211_s_at	1,7	Ras inhibitor
209091_s_at	1,7	SH3-domain, GRB2-like, endophilin B1
210312_s_at	1,7	Hypothetical protein 24636
221543_s_at	1,7	Chromosome 8 open reading frame 2
213531_s_at	1,7	ox97e08.x1 Soares_senescent_fibroblasts_NbHSF Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1664294 3', mRNA sequence.
220272_at	1,7	Hypothetical protein FLJ20043
203885_at	1,7	KIAA0118 protein
217852_s_at	1,7	Hypothetical protein FLJ10702
203522_at	1,7	Copper chaperone for superoxide dismutase
211612_s_at	1,7	gb:U62858.1 /DEF=Human interleukin-13 receptor mRNA, complete cds. /FEA=mRNA /PROD=interleukin-13 receptor /DB_XREF=gi:1695875 /FL=gb:U62858.1
211704_s_at	1,7	Spindlin-like
200721_s_at	1,7	ARPI (actin-related protein 1, yeast) homolog A (centractin alpha)
216236_s_at	1,7	Solute carrier family 2 (facilitated glucose transporter), member 3
211945_s_at	1,7	602546969F1 NIH_MGC_60 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4669168 5', mRNA sequence.
210692_s_at	1,7	Hypothetical protein DKFZp762A227
219603_s_at	1,7	Zinc finger protein 226
201895_at	1,7	V-raf murine sarcoma 3611 viral oncogene homolog 1
211530_x_at	1,7	HLA-G histocompatibility antigen, class I, G
208664_s_at	1,7	Tetratricopeptide repeat domain 3
201357_s_at	1,7	Splicing factor 3a, subunit 1, 120kD
204576_s_at	1,7	zr87c08.s1 NCI_CGAP_GCB1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:682670 3', mRNA sequence.
218632_at	1,7	Hypothetical protein FLJ21156
202938_x_at	1,7	CGI-96 protein
208653_s_at	1,7	CD164 antigen, sialomucin
218364_at	1,7	Leucine rich repeat (in FLII) interacting protein 2
203834_s_at	1,7	Trans-golgi network protein 2
44696_at	1,7	oh86f07.s1 NCI_CGAP_Co8 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1473925 3', mRNA sequence.
200676_s_at	1,7	Ubiquitin-conjugating enzyme E2L 3
202645_s_at	1,7	Multiple endocrine neoplasia I
221240_s_at	1,7	UDP-GlcNAc:betaGal beta-1,3-N-acetylglucosaminyltransferase 4
206448_at	1,7	KIAA0844 protein
211537_x_at	1,7	Mitogen-activated protein kinase kinase kinase 7
207308_at	1,7	Solute carrier family 21 (organic anion transporter), member 3
215952_s_at	1,7	Ornithine decarboxylase antizyme 1
203384_s_at	1,7	Golgi autoantigen, golgin subfamily a, 1
202315_s_at	1,7	Breakpoint cluster region
208655_at	1,7	60255912F1 NIH_MGC_61 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4697115 5', mRNA sequence.
214022_s_at	1,7	ny11d02.s1 NCI_CGAP_GCB1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1271427 3' similar to gb:j04164 INTERFERON-INDUCIBLE PROTEIN 9-27 (HUMAN);, mRNA sequence.
210788_s_at	1,7	CGI-86 protein
218652_s_at	1,7	Hypothetical protein FLJ20265

ID	cf	Gen
218125_s_at	1,7	Hypothetical protein FLJ10853
203809_s_at	1,7	V-akt murine thymoma viral oncogene homolog 2
202440_s_at	1,7	Suppression of tumorigenicity 5
202416_at	1,7	DnaJ (Hsp40) homolog, subfamily C, member 7
219348_at	1,7	Uncharacterized hematopoietic stem/progenitor cells protein MDS032
217762_s_at	1,7	601476750F1 NIH_MGC_68 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3879493 5', mRNA sequence.
201538_s_at	1,7	Dual specificity phosphatase 3 (vaccinia virus phosphatase VH1-related)
221255_s_at	1,7	Hypothetical protein MGC2963
208666_s_at	1,7	Suppression of tumorigenicity 13 (colon carcinoma) (Hsp70-interacting protein)
204106_at	1,7	Testis-specific kinase 1
201888_s_at	1,7	interleukin 13 receptor, alpha 1
40446_at	1,7	Ribosomal protein L12
205904_at	1,7	MHC class I polypeptide-related sequence A
211733_x_at	1,7	Sterol carrier protein 2
201020_at	1,7	Tyrosine 3-monooxygenase/tryptophan 5-monooxygenase activation protein, eta polypeptide
58900_at	1,7	wu95h10.x1 NCI_CGAP_Kid3 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2527843 3', mRNA sequence.
203257_s_at	1,7	Hypothetical protein MGC4707
213113_s_at	1,7	ad06a06.r1 Proliferating Erythroid Cells (LCB:ad library) Homo sapiens cDNA clone ad06a06 random, mRNA sequence.
218923_at	1,7	xv61d01.x1 NCI_CGAP_Lu28 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2817601 3', mRNA sequence.
202681_at	1,7	qp48c09.x1 NCI_CGAP_Co8 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1926256 3', mRNA sequence.
209417_s_at	1,7	Interferon-induced protein 35
203884_s_at	1,7	KIAA0941 protein
218298_s_at	1,7	Hypothetical protein FLJ20950
202116_at	1,7	Requiem, apoptosis response zinc finger gene
39650_s_at	1,7	Homo sapiens KIAA0435 mRNA, complete cds.
201511_at	1,7	Angio-associated, migratory cell protein
212486_s_at	1,7	yx53f09.s1 Soares melanocyte 2NbHM Homo sapiens cDNA clone IMAGE:265481 3', mRNA sequence.
216091_s_at	1,7	Beta-transducin repeat containing
217981_s_at	1,7	Fracture callus 1 (rat) homolog
211792_s_at	1,7	Cyclin-dependent kinase inhibitor 2C (p18, inhibits CDK4)
219343_at	1,7	Hsp90-associating relative of Cdc37
200779_at	1,7	Activating transcription factor 4 (tax-responsive enhancer element B67)
221938_x_at	1,7	xq93d08.x1 NCI_CGAP_Brn53 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2758191 3' similar to contains TAR1.t2 TAR1 repetitive element ;, mRNA sequence.
218240_at	1,7	I-kappa-B-interacting Ras-like protein 2
213141_at	1,7	Chymotrypsin-like
201864_at	1,7	GDP dissociation inhibitor 1
208920_at	1,7	AV752215 NPD Homo sapiens cDNA clone NPDAYH02 5', mRNA sequence.
221037_s_at	1,7	Hypothetical protein DKFZp434N1235
202812_at	1,7	Glucosidase, alpha; acid (Pompe disease, glycogen storage disease type II)
218105_s_at	1,7	Mitochondrial ribosomal protein L4
208966_x_at	1,7	Interferon, gamma-inducible protein 16
211061_s_at	1,7	Mannosyl (alpha-1,6-)-glycoprotein beta-1,2-N-acetylglucosaminyltransferase
211982_x_at	1,7	AL546600 LTI_NFL006_PL2 Homo sapiens cDNA clone CS0DI029YA23 3 prime, mRNA sequence.
215073_s_at	1,7	AL554245 LTI_NFL006_PL2 Homo sapiens cDNA clone CS0DI082YA02 5 prime, mRNA sequence.
221024_s_at	1,7	Solute carrier family 2 (facilitated glucose transporter), member 10
37408_at	1,6	HH01151 cDNA clone for KIAA0709 has a 5-bp deletion at positions 3341- 3345 of the sequence of KIAA0709.; Homo sapiens mRNA for KIAA0709 protein, complete cds.
208654_s_at	1,6	CD164 antigen, sialomucin
219633_at	1,6	Hypothetical protein MGC2470
209422_at	1,6	SCAN domain-containing 1
201804_x_at	1,6	Cytoskeleton-associated protein 1
35685_at	1,6	H.sapiens RING1 gene.
202762_at	1,6	Rho-associated, coiled-coil containing protein kinase 2
218143_s_at	1,6	Secretory carrier membrane protein 2
213342_at	1,6	wg10a05.x1 Soares_NSF_F8_9W_OT_PA_P_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2364656 3', mRNA sequence.
211779_x_at	1,6	Adaptor-related protein complex 2, alpha 2 subunit
217432_s_at	1,6	Iduronate 2-sulfatase (Hunter syndrome)
215954_s_at	1,6	qf68d05.x1 Soares_testis_NHT Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1755177 3' similar to TR:O14342 O14342 HYPOTHETICAL 60.9 KD PROTEIN. ;, mRNA sequence.
222235_s_at	1,6	match: proteins: Tr:O02330 Tr:Q9Y2J5 Tr:Q9V5I7; Human DNA sequence from clone RP1-19N1 on chromosome Xq21.33-22.3 Contains a gene for a novel protein. Contains ESTs, STSs and GSSs, complete sequence.
209428_s_at	1,6	602452067F1 NIH_MGC_14 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4590353 5', mRNA sequence.
46270_at	1,6	DKFZp434N1010_s1 434 (synonym: htes3) Homo sapiens cDNA clone DKFZp434N1010 3', mRNA sequence.
207616_s_at	1,6	TRAF family member-associated NFkB activator
200866_s_at	1,6	Prosaposin (variant Gaucher disease and variant metachromatic leukodystrophy)
203501_at	1,6	Plasma glutamate carboxypeptidase
200714_x_at	1,6	Amplified in osteosarcoma
208735_s_at	1,6	Conserved gene amplified in osteosarcoma
49485_at	1,6	71E5 Human retina cDNA Tsp509I-cleaved sublibrary Homo sapiens cDNA not directional, mRNA sequence.
213035_at	1,6	ox76a08.x1 Soares_NhHMPu_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1662230 3', mRNA sequence.
218136_s_at	1,6	Mitochondrial solute carrier
210648_x_at	1,6	Sorting nexin 3
218811_at	1,6	nac84c04.x1 NCI_CGAP_Brn23 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3441007 3' similar to TR:Q9U6B8 Q9U6B8 F PROTEIN. [1] ;, mRNA sequence.
209120_at	1,6	AV703465 ADB Homo sapiens cDNA clone ADBCHG08 5', mRNA sequence.

ID	cf	Gen
201782_s_at	1,6	Aryl hydrocarbon receptor-interacting protein
221495_s_at	1,6	KIAA1049 protein
218383_at	1,6	Hypothetical protein FLJ20424
203970_s_at	1,6	Peroxisomal biogenesis factor 3
209659_s_at	1,6	CDC16 (cell division cycle 16, <i>S. cerevisiae</i> , homolog)
216442_x_at	1,6	Fibronectin 1
214379_at	1,6	wr49f12.x1 NCL_CGAP_Ut1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2491055 3', mRNA sequence.
221853_s_at	1,6	yv27d07.s1 Soares fetal liver spleen 1NFLS Homo sapiens cDNA clone IMAGE:243949 3' similar to PIR:S21977 S21977 Pm5 protein - human ;, mRNA sequence.
213446_s_at	1,6	tu71g05.x1 NCL_CGAP_Gas4 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2256536 3' similar to SW:IQGA_HUMAN P46940 RAS GTPASE-ACTIVATING-LIKE PROTEIN IQGAP1 ;, mRNA sequence.
206332_s_at	1,6	Interferon, gamma-inducible protein 16
213187_x_at	1,6	602567289F1 NIH_MGC_77 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4691639 5', mRNA sequence.
212532_s_at	1,6	602287590F1 NIH_MGC_96 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4374862 5', mRNA sequence.
200813_s_at	1,6	601112157F1 NIH_MGC_16 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3352623 5', mRNA sequence.
206431_x_at	1,6	KIAA0676 protein
217499_x_at	1,6	hq04g08.x1 NCL_CGAP_Ut7 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3118430 3' similar to gb:X65857_cds1 OLFACTORY RECEPTOR-LIKE PROTEIN HGMP07E (HUMAN);, mRNA sequence.
208842_s_at	1,6	zd96c09.s1 Soares_fetal_heart_NbHH19W Homo sapiens cDNA clone IMAGE:357328 3', mRNA sequence.
222199_s_at	1,6	Bridging integrator 3
208854_s_at	1,6	nn75a04.s1 NCL_CGAP_Co9 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1089678 3', mRNA sequence.
218249_at	1,6	Hypothetical protein FLJ21952
204144_s_at	1,6	Phosphatidylinositol glycan, class Q
201443_s_at	1,6	ATPase, H ⁺ transporting, lysosomal (vacuolar proton pump) membrane sector associated protein M8-9
219940_s_at	1,6	Hypothetical protein FLJ11305
221484_at	1,6	UDP-Gal:betaGlcNAc beta 1,4- galactosyltransferase, polypeptide 5
37966_at	1,6	zp66g11.r1 Stratagene endothelial cell 937223 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:625220 5', mRNA sequence.
206845_s_at	1,6	95 kDa retinoblastoma protein binding protein
201949_x_at	1,6	AL572341 LIT_NFL006_PL2 Homo sapiens cDNA clone CS0DI007YC13 3 prime, mRNA sequence.
204209_at	1,6	tt32b06.x1 NCL_CGAP_GC6 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2242451 3', mRNA sequence.
204066_s_at	1,6	Centaurin, gamma 2
207439_s_at	1,6	Solute carrier family 35 (UDP-galactose transporter), member 2
208398_s_at	1,6	TBP-like 1
213300_at	1,6	xg60c11.x1 NCL_CGAP_Ut4 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2632724 3' similar to TR:O43154 O43154 KIAA0404 ;, mRNA sequence.
216194_s_at	1,6	Consensus includes gb:AD001527 /DEF=Homo sapiens DNA from chromosome 19-cosmid f24590 containing CAPNS and POL2RI, genomic sequence /FEA=CDS_3 /DB_XREF=gi:1905899 /UG=Hs.31053 cytoskeleton-associated protein 1
211504_x_at	1,6	Rho-associated, coiled-coil containing protein kinase 2
217911_s_at	1,6	BCL2-associated athanogene 3
44120_at	1,6	au50b03.x1 Schneider fetal brain 00004 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2518157 3' similar to SW:YP09_YEAST Q02981 HYPOTHETICAL 62.8 KD PROTEIN IN SSE1-CAR1 INTERGENIC REGION. ;, mRNA sequence.
205204_at	1,6	Neuromedin B
52940_at	1,6	zk71e09.s1 Soares_pregnant_uterus_NbHPU Homo sapiens cDNA clone IMAGE:488296 3', mRNA sequence.
216336_x_at	1,6	Consensus includes gb:AL031602 /DEF=Human DNA sequence from clone RP5-1174N9 on chromosome 1p34.1-35.3. Contains the gene for a novel protein with IBR domain, a (pseudo?) gene for a novel protein similar to MT1E (metallothionein 1E (functional)), ESTs, ST
218129_s_at	1,6	Nuclear transcription factor Y, beta
222155_s_at	1,6	Hypothetical protein FLJ11856
212034_s_at	1,6	7e86a02.x1 NCL_CGAP_CLL1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3292010 3' similar to TR:O54922 O54922 REXO70. ;, mRNA sequence.
221737_at	1,6	Guanine nucleotide binding protein (G protein) alpha 12
208881_x_at	1,6	Isopentenyl-diphosphate delta isomerase
210142_x_at	1,6	Flotillin 1
221827_at	1,6	601475616F1 NIH_MGC_68 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3878643 5', mRNA sequence.
218740_s_at	1,6	Hypothetical protein FLJ13660 similar to CDK5 activator-binding protein C53
201319_at	1,6	Myosin, light polypeptide, regulatory, non-sarcomeric (20kD)
218124_at	1,6	Hypothetical protein FLJ20296
214866_at	1,6	Plasminogen activator, urokinase receptor
202224_at	1,6	V-crk avian sarcoma virus CT10 oncogene homolog
200654_at	1,6	Procollagen-proline, 2-oxoglutarate 4-dioxygenase (proline 4-hydroxylase), beta polypeptide (protein disulfide isomerase; thyroid hormone binding protein p55)
208980_s_at	1,6	Ubiquitin C
209150_s_at	1,6	Transmembrane 9 superfamily member 1
221927_s_at	1,6	wn85h04.x1 NCL_CGAP_Ut1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2452663 3' similar to WP:R05D7.4 CE18906 ALPHA/BETA HYDROLASE FOLD ;contains Alu repetitive element;, mRNA sequence.
213616_at	1,6	7h90a05.x1 NCL_CGAP_Co16 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3323216 3' similar to TR:Q9Y435 Q9Y435 HYPOTHETICAL 30.0 KD PROTEIN ;, mRNA sequence.
AFFX-HSAC07/X00351_M_at	1,6	beta-actin; Human mRNA for beta-actin.
206016_at	1,6	JM1 protein
203675_at	1,6	Nucleobindin 2
202718_at	1,6	Insulin-like growth factor binding protein 2 (36kD)
203635_at	1,6	Down syndrome critical region gene 3
204970_s_at	1,6	V-maf musculoaponeurotic fibrosarcoma (avian) oncogene family, protein G
200668_s_at	1,6	Ubiquitin-conjugating enzyme E2D 3 (homologous to yeast UBC4/5)
208016_s_at	1,6	Angiotensin receptor 1

ID	cf	Gen
202256_at	1,6	602255284F1 NIH_MGC_84 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4347332 5', mRNA sequence.
222376_at	1,6	AV704017 ADB Homo sapiens cDNA clone ADBAOG04 5', mRNA sequence.
219996_at	1,6	Hypothetical protein FLJ22551
219492_at	1,6	Cystein-rich hydrophobic domain 2
222327_x_at	1,6	zx51h08.s1 Soares_testis_NHT Homo sapiens cDNA clone IMAGE:795807 3' similar to TR:G902330 G902330 PUTATIVE OLFACTORY RECEPTOR,, mRNA sequence.
203546_at	1,6	Importin 13
210495_x_at	1,6	Fibronectin 1
214310_s_at	1,6	wi98g11.x1 NCI_CGAP_Kid12 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2401412 3' similar to TR:O14616 O14616 HYPOTHETICAL 13.5 KD PROTEIN., mRNA sequence.
209407_s_at	1,6	Deformed epidermal autoregulatory factor 1 (Drosophila)
203261_at	1,6	Novel RGD-containing protein
211692_s_at	1,6	Bcl-2 binding component 3
201814_at	1,6	KIAA0210 gene product
217764_s_at	1,6	RAB31, member RAS oncogene family
45749_at	1,6	zu69a02.r1 Soares_testis_NHT Homo sapiens cDNA clone IMAGE:743210 5', mRNA sequence.
209668_x_at	1,6	Carboxylesterase 2 (intestine, liver)
210376_x_at	1,6	ELK1, member of ETS oncogene family
204554_at	1,6	Hypothetical protein dJ551D2.5
211684_s_at	1,6	Dynein, cytoplasmic, intermediate polypeptide 2
203127_s_at	1,6	Serine palmitoyltransferase, long chain base subunit 2
217906_at	1,6	Host cell factor homolog
211014_s_at	1,6	Promyelocytic leukemia
33850_at	1,6	53c11 Human retina cDNA randomly primed sublibrary Homo sapiens cDNA, mRNA sequence.
212025_s_at	1,6	see GenBank Accession Number U01184 for cDNA; similar to Drosophila melanogaster fil in GenBank Accession Number U01182 and Caenorhabditis elegans fil homolog in GenBank Accession Number U01183; Homo sapiens FLII gene, complete cds.
217718_s_at	1,6	GW128 protein
201581_at	1,6	AL544094 LTI_NFL006_PL2 Homo sapiens cDNA clone CS0DI004YG20 3 prime, mRNA sequence.
201203_s_at	1,6	wo23c10.x1 NCI_CGAP_Pan1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2456178 3' similar to TR:O75300 O75300 ES/130., mRNA sequence.
208002_s_at	1,6	Cytosolic acyl coenzyme A thioester hydrolase
217448_s_at	1,6	KIAA0737 gene product
201679_at	1,6	Arsenate resistance protein ARS2
222165_x_at	1,6	Hypothetical protein EST00098
203076_s_at	1,6	MAD (mothers against decapentaplegic, Drosophila) homolog 2
52651_at	1,6	wf15d05.x1 Soares_NFL_T_GBC_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2350665 3', mRNA sequence.
217208_s_at	1,6	match: proteins: Tr:Q62402 Sw:Q62696 Sw:Q12959; Human DNA sequence from clone RP5-1061C18 on chromosome 1p36.22-36.33. Contains ESTs, STSs, GSSs and a CpG island. Contains the 5' part of the DLG1 gene encoding the discs protein (large Drosophila homolog 1, presynaptic protein SAP97) with five isoforms, complete sequence.
208454_s_at	1,6	Plasma glutamate carboxypeptidase
209345_s_at	1,6	AL561930 LTI_NFL004_NBC2 Homo sapiens cDNA clone CS0DB002YM13 3 prime, mRNA sequence.
201758_at	1,6	Tumor susceptibility gene 101
217990_at	1,6	GMPT2 for guanosine monophosphate reductase isolog
217200_x_at	1,6	Cytochrome b-561
214180_at	1,6	hd05a05.x1 Soares_NFL_T_GBC_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2908592 3', mRNA sequence.
201673_s_at	1,6	Glycogen synthase 1 (muscle)
209409_at	1,6	Growth factor receptor-bound protein 10
214443_at	1,6	Poliovirus receptor
218030_at	1,6	G protein-coupled receptor kinase-interactor 1
202652_at	1,6	Amyloid beta (A4) precursor protein-binding, family B, member 1 (Fe65)
215764_x_at	1,6	nr02c04.s1 NCI_CGAP_Co10 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1160646 3', mRNA sequence.
201649_at	1,6	Ubiquitin-conjugating enzyme E2L 6
201253_s_at	1,6	CDP-diacylglycerol--inositol 3-phosphatidyltransferase (phosphatidylinositol synthase)
57163_at	1,6	yv06a08.s1 Soares fetal liver spleen 1NFL5 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:241910 3', mRNA sequence.
222103_at	1,6	ti48b06.x1 NCI_CGAP_Lym12 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2133683 3', mRNA sequence.
209424_s_at	1,6	Alpha-methylacyl-CoA racemase
212878_s_at	1,6	zs49b01.s1 NCI_CGAP_GCB1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:700777 3' similar to gb:L04733 KINESIN LIGHT CHAIN (HUMAN),, mRNA sequence.
217955_at	1,6	MIL1 protein
221819_at	1,6	602252342F1 NIH_MGC_84 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4344539 5', mRNA sequence.
213798_s_at	1,6	oe29d06.s1 NCI_CGAP_Pr25 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1409963 3' similar to gb:L12168 ADENYLYL CYCLASE-ASSOCIATED PROTEIN (HUMAN),, mRNA sequence.
207991_x_at	1,6	Acrosomal vesicle protein 1
218335_x_at	1,6	A20-binding inhibitor of NF-kappaB activation-2
209331_s_at	1,6	zg72g05.s1 Soares_fetal_heart_NbHH19W Homo sapiens cDNA clone IMAGE:398936 3', mRNA sequence.
208733_at	1,6	RAB2, member RAS oncogene family
200730_s_at	1,6	602135085F1 NIH_MGC_81 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4290141 5', mRNA sequence.
219920_s_at	1,6	GDP-mannose pyrophosphorylase B
201300_s_at	1,6	Prion protein (p27-30) (Creutzfeldt-Jakob disease, Gerstmann-Strausler-Scheinker syndrome, fatal familial insomnia)
208024_s_at	1,6	DiGeorge syndrome critical region gene 6
203243_s_at	1,6	LIM protein (similar to rat protein kinase C-binding enigma)
209077_at	1,6	Consensus includes gb:AL022313 /DEF=Human DNA sequence from clone RP5-1119A7 on chromosome 22q12.2-12.3 Contains the TXN2 gene for mitochondrial thioredoxin, a novel gene, the EIF357 gene for eukaryotic translation initiation factor 3 subunit 7 (zeta, 666
206052_s_at	1,6	Stem-loop (histone) binding protein
204000_at	1,6	Guanine nucleotide binding protein (G protein), beta 5

ID	cf	Gen
200827_at	1,6	Procollagen-lysine, 2-oxoglutarate 5-dioxygenase (lysine hydroxylase, Ehlers-Danlos syndrome type VI)
41160_at	1,6	Homo sapiens chromosome 19, cosmid R30538, complete sequence.
221493_at	1,6	TSPY-like
204480_s_at	1,6	Hypothetical protein EST00098
212231_at	1,6	F-box only protein 21
202801_at	1,6	Protein kinase, cAMP-dependent, catalytic, alpha
205596_s_at	1,6	E3 ubiquitin ligase SMURF2
35666_at	1,6	Human semaphorin III family homolog mRNA, complete cds.
218260_at	1,6	Hypothetical protein MGC2594
204206_at	1,6	MAX binding protein
202257_s_at	1,6	CD2 antigen (cytoplasmic tail)-binding protein 2
220241_at	1,6	Hypothetical protein FLJ20623
212574_x_at	1,6	Hypothetical human protein (partial CDS); CDS constructed from combination of BLASTX, EST matches and Xgrail predictions. N-terminus of protein likely encoded in flanking cosmid R29942. Predicted protein exhibits weak similarity to hypothetical protein PI
201914_s_at	1,6	SEC63 protein
200067_x_at	1,6	Consensus includes gb:AL078596 /DEF=Human DNA sequence from clone RP3-429G5 on chromosome 6q21-22.1. Contains the NR2E1 gene for nuclear receptor 2E1 (tailless, TLL, TLX, XTLL), the 3 end of the SNX3 gene for sorting nexin 3, ESTs, STSs, GSSs and four pre
201565_s_at	1,6	Inhibitor of DNA binding 2, dominant negative helix-loop-helix protein
217991_x_at	1,6	Hypothetical protein FLJ10355
202130_at	1,6	wq69f11.x1 NCI_CGAP_GC6 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2476557 3' similar to TR:O14730 O14730 HOMOLOG OF THE ASPERGILLUS NIDULANS SUDD GENE PRODUCT. ;, mRNA sequence.
221962_s_at	1,6	wj47d11.x1 NCI_CGAP_Lu19 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2405973 3' similar to gb:Z29328 UBIQUITIN-CONJUGATING ENZYME E2-21 KD (HUMAN);, mRNA sequence.
216035_x_at	1,6	AV721430 HTB Homo sapiens cDNA clone HTBBIF09 5', mRNA sequence.
202228_s_at	1,6	Stromal cell derived factor receptor 1
212855_at	1,6	KIAA0276 protein
207157_s_at	1,6	Guanine nucleotide binding protein (G protein), gamma 5
215303_at	1,6	hn47g05.x2 NCI_CGAP_Co17 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3026840 3', mRNA sequence.
208351_s_at	1,6	Mitogen-activated protein kinase 1
202943_s_at	1,6	N-acetylgalactosaminidase, alpha-
217149_x_at	1,5	Homo sapiens non-receptor tyrosine kinase (TNK1) gene, complete cds.
209102_s_at	1,5	HMG-box containing protein 1
205514_at	1,5	Hypothetical protein FLJ11191
202696_at	1,5	Oxidative-stress responsive 1
220949_s_at	1,5	Hypothetical protein MGC5242
205457_at	1,5	Hypothetical protein MGC4614
204084_s_at	1,5	wc71g01.x1 NCI_CGAP_Pan1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2324112 3' similar to SW:CLN5_HUMAN O75503 CLN5 PROTEIN. ;, mRNA sequence.
202571_s_at	1,5	KIAA0964 protein
209012_at	1,5	Triple functional domain (PTPRF interacting)
209965_s_at	1,5	RAD51 (S. cerevisiae)-like 3
218109_s_at	1,5	Hypothetical protein FLJ14153
208116_s_at	1,5	Mannosidase, alpha, class 1A, member 1
201999_s_at	1,5	T-complex-associated-testis-expressed 1-like 1
209566_at	1,5	Insulin induced protein 2
211719_x_at	1,5	Fibronectin 1
221711_s_at	1,5	HSPC142 protein
210425_x_at	1,5	Golgin-67
218770_s_at	1,5	Hypothetical protein FLJ10315
209332_s_at	1,5	MAX protein
208857_s_at	1,5	Protein-L-isoaspartate (D-aspartate) O-methyltransferase
202394_s_at	1,5	Hypothetical protein FLJ11198
203311_s_at	1,5	ADP-ribosylation factor 6
50314_i_at	1,5	wi61b11.x1 NCI_CGAP_Co16 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2394717 3', mRNA sequence.
74694_s_at	1,5	ol24e02.s1 Soares_NFL_T_GBC_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1524410 3' similar to contains TAR1.t1 TAR1 TAR1 repetitive element ;, mRNA sequence.
212064_x_at	1,5	tl99b10.x1 NCI_CGAP_Co14 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2155195 3' similar to gb:M94046 Human zinc finger protein (HUMAN);contains PTR5.t3 MER22 repetitive element ;, mRNA sequence.
217729_s_at	1,5	gb:NM_001130.3 /DEF=Homo sapiens amino-terminal enhancer of split (AES), mRNA. /FEA=mRNA /GEN=AES /PROD=amino-terminal enhancer of split /DB_XREF=gi:6382065 /UG=Hs.244 amino-terminal enhancer of split /FL=gb:AF072902.1 gb:U04241.1 gb:NM_001130.3
202689_at	1,5	Chromosome 3p21.1 gene sequence
202867_s_at	1,5	DnaJ (Hsp40) homolog, subfamily B, member 12
201830_s_at	1,5	Neuroepithelial cell transforming gene 1
213279_at	1,5	SEE ALSO
209608_s_at	1,5	Acetyl-Coenzyme A acetyltransferase 2 (acetoacetyl Coenzyme A thiolase)
208641_s_at	1,5	Ras-related C3 botulinum toxin substrate 1 (rho family, small GTP binding protein Rac1)
218181_s_at	1,5	Hypothetical protein FLJ20373
41047_at	1,5	wi90e10.x1 NCI_CGAP_Brn25 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2432202 3' similar to TR:O73881 O73881 EST00098 PROTEIN. ;, mRNA sequence.
201207_at	1,5	Tumor necrosis factor, alpha-induced protein 1 (endothelial)
222158_s_at	1,5	CGI-146 protein
208946_s_at	1,5	Beclin 1 (coiled-coil, myosin-like BCL2-interacting protein)
200669_s_at	1,5	Ubiquitin-conjugating enzyme E2D 3 (homologous to yeast UBC4/5)
218018_at	1,5	Hypothetical protein FLJ21324

ID	cf	Gen
201683_x_at	1,5	601471206F1 NIH_MGC_67 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3874321 5', mRNA sequence.
212987_at	1,5	F-box only protein 9
208403_x_at	1,5	MAX protein
202896_s_at	1,5	Protein tyrosine phosphatase, non-receptor type substrate 1
222006_at	1,5	qy27h02.x1 NCI_CGAP_Brn23 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2013267 3' similar to contains Alu repetitive element;contains element MER22 repetitive element ;, mRNA sequence.
215909_x_at	1,5	Missshapen/NIK-related kinase
40569_at	1,5	Human zinc finger protein 42 (MZF-1) mRNA, complete cds.
205435_s_at	1,5	KIAA1048 protein
219205_at	1,5	Serine racemase
200672_x_at	1,5	Spectrin, beta, non-erythrocytic 1
202607_at	1,5	AL526632 LTI_NFL003_NBC3 Homo sapiens cDNA clone CS0DC020YC21 3 prime, mRNA sequence.
201866_s_at	1,5	Nuclear receptor subfamily 3, group C, member 1
213624_at	1,5	ob12a02.s1 NCI_CGAP_Kid3 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1323434 3' similar to TR:Q92484 Q92484 ACID SPHINGOMYELINASE-LIKE PHOSPHODIESTERASE ;, mRNA sequence.
207782_s_at	1,5	Presenilin 1 (Alzheimer disease 3)
205076_s_at	1,5	Cisplatin resistance associated
215649_s_at	1,5	Consensus includes gb:AF217536.1 /DEF=Homo sapiens truncated mevalonate kinase mRNA, partial cds, alternatively spliced. /FEA=mRNA /PROD=truncated mevalonate kinase /DB_XREF=gi:9049521 /UG=Hs.306585 Homo sapiens truncated mevalonate kinase mRNA, partial
209733_at	1,5	Consensus includes gb:AL034399 /DEF=Human DNA sequence from clone 191P20 on chromosome Xq23. Contains a pseudogene similar to AngiotensinVasopressin receptor AIIAVP, and the 3 end of a novel Fibronectin type III domain containing protein similar to Ring f
202459_s_at	1,5	HSU55968 Human brain ARSanders Homo sapiens cDNA clone 26508 3', mRNA sequence.
218313_s_at	1,5	UDP-N-acetyl-alpha-D-galactosamine:polypeptide N-acetylgalactosaminyltransferase 7 (GalNAc-T7)
210966_x_at	1,5	KIAA0731 protein
218472_s_at	1,5	Pelota (Drosophila) homolog
203457_at	1,5	Syntaxin 7
56256_at	1,5	z106h03.r1 Soares_pregnant_uterus_NbHPU Homo sapiens cDNA clone IMAGE:491573 5', mRNA sequence.
210251_s_at	1,5	KIAA0871 protein
212570_at	1,5	AL573201 LTI_NFL006_PL2 Homo sapiens cDNA clone CS0DI043YM01 3 prime, mRNA sequence.
202538_s_at	1,5	DKFZP564O123 protein
208868_s_at	1,5	601763146F1 NIH_MGC_20 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4026010 5', mRNA sequence.
218076_s_at	1,5	Homolog of rat nadrin
200612_s_at	1,5	Adaptor-related protein complex 2, beta 1 subunit
203745_at	1,5	wg15d09.x1 Soares_NSF_F8_9W_OT_PA_P_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2365169 3', mRNA sequence.
202484_s_at	1,5	Methyl-CpG binding domain protein 2
200605_s_at	1,5	Protein kinase, cAMP-dependent, regulatory, type I, alpha (tissue specific extinguisher 1)
221895_at	1,5	hc78g04.x1 NCI_CGAP_Gas4 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2898870 3', mRNA sequence.
209320_at	1,5	Adenylate cyclase 3
217655_at	1,5	hy07f08.x1 NCI_CGAP_GC6 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3196647 3' similar to contains Alu repetitive element;contains element MIR repetitive element ;, mRNA sequence.
213518_at	1,5	tx83h10.x1 NCI_CGAP_Ut4 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2276227 3', mRNA sequence.
202481_at	1,5	Short-chain dehydrogenase/reductase 1
217917_s_at	1,5	HSPC162 protein
211458_s_at	1,5	GABA(A) receptors associated protein like 3
204334_at	1,5	ab40d10.s1 Stratagene HeLa cell s3 937216 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:843283 3', mRNA sequence.
207937_x_at	1,5	Fibroblast growth factor receptor 1 (fms-related tyrosine kinase 2, Pfeiffer syndrome)
218739_at	1,5	CGI-58 protein

ID: Affymetrix-Identität. cf: change fold.

Tabelle 53: Genliste Muster 3 (n=442; 4.1.3.3).

ID	cf	Gen
212670_at	12,0	zv21b07.s1 Soares_NhHMPu_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:754261 3' similar to contains element MER22 repetitive element ;, mRNA sequence.
211748_x_at	8,1	Prostaglandin D2 synthase (21kD, brain)
219529_at	8,0	Chloride intracellular channel 3
205200_at	7,0	Tetranectin (plasminogen-binding protein)
221870_at	6,8	tg55d04.x1 NCI_CGAP_Pr28 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2112679 3' similar to gb:M91159 !!!! ALU CLASS E WARNING ENTRY !!!! (HUMAN);, mRNA sequence.
203088_at	6,1	Fibulin 5
219054_at	5,9	Hypothetical protein FLJ14054
203751_x_at	5,8	Jun D proto-oncogene
212097_at	5,1	AU147399 MAMMA1 Homo sapiens cDNA clone MAMMA1000563 3', mRNA sequence.
203065_s_at	5,1	Caveolin 1, caveolae protein, 22kD
212187_x_at	5,1	Prostaglandin D2 synthase (21kD, brain)
203815_at	4,9	Glutathione S-transferase theta 1
201150_s_at	4,7	Tissue inhibitor of metalloproteinase 3 (Sorsby fundus dystrophy, pseudoinflammatory)
203571_s_at	4,6	Adipose specific 2
200878_at	4,5	Endothelial PAS domain protein 1

ID	cf	Gen
212091_s_at	4,4	chains alpha-1, alpha-2, alpha-3; H.sapiens COL6A1 gene, exon 1 and 2 (& joined CDS).
209101_at	4,4	Connective tissue growth factor
202016_at	4,3	Mesoderm specific transcript (mouse) homolog
201189_s_at	4,2	Inositol 1,4,5-triphosphate receptor, type 3
201952_at	4,2	Activated leucocyte cell adhesion molecule
201951_at	4,2	Activated leucocyte cell adhesion molecule
201792_at	3,8	AE-binding protein 1
203835_at	3,8	Glycoprotein A repetitions predominant
209386_at	3,8	qp58g11.x1 NCI_CGAP_Co8 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1927268 3' similar to gb:M90657 TUMOR-ASSOCIATED ANTIGEN L6 (HUMAN);, mRNA sequence.
209708_at	3,7	DKFZP564G202 protein
203407_at	3,6	Periplakin
205158_at	3,6	Ribonuclease, RNase A family, 4
201147_s_at	3,5	Tissue inhibitor of metalloproteinase 3 (Sorsby fundus dystrophy, pseudoinflammatory)
205547_s_at	3,5	Transgelin
213451_x_at	3,4	hq87a07.x1 NCI_CGAP_Thy3 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3126324 3' similar to gb:M25813 FIBRINOGEN-LIKE PROTEIN (HUMAN);, mRNA sequence.
202628_s_at	3,4	Serine (or cysteine) proteinase inhibitor, clade E (nexin, plasminogen activator inhibitor type 1), member 1
209387_s_at	3,4	Transmembrane 4 superfamily member 1
201058_s_at	3,3	Myosin regulatory light chain 2, smooth muscle isoform
207980_s_at	3,3	Cbp/p300-interacting transactivator, with Glu/Asp-rich carboxy-terminal domain, 2
202177_at	3,3	Growth arrest-specific 6
207191_s_at	3,2	Immunoglobulin superfamily containing leucine-rich repeat
209156_s_at	3,2	Collagen, type VI, alpha 2
208747_s_at	3,2	Complement component 1, s subcomponent
209488_s_at	3,2	RNA-binding protein gene with multiple splicing
214696_at	3,1	Hypothetical protein MGC14376
45297_at	3,1	tg55d04.x1 NCI_CGAP_Pr28 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2112679 3' similar to gb:M91159 !!!! ALU CLASS E WARNING ENTRY !!!! (HUMAN);, mRNA sequence.
212067_s_at	3,1	AL573058 LTI_NFL006_PL2 Homo sapiens cDNA clone CS0DI014YC05 3 prime, mRNA sequence.
201289_at	3,1	Cysteine-rich, angiogenic inducer, 61
212912_at	3,1	ws41d12.x1 NCI_CGAP_Brn25 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2499767 3', mRNA sequence.
210764_s_at	3,1	Cysteine-rich, angiogenic inducer, 61
201842_s_at	3,0	wk56d07.x1 NCI_CGAP_Pr22 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2419405 3' similar to TR:Q12805 Q12805 EXTRACELLULAR PROTEIN S1-5 PRECURSOR. ;, mRNA sequence.
204971_at	3,0	Cystatin A (stefin A)
201148_s_at	3,0	Tissue inhibitor of metalloproteinase 3 (Sorsby fundus dystrophy, pseudoinflammatory)
202014_at	2,9	Protein phosphatase 1, regulatory (inhibitor) subunit 15A
218983_at	2,9	Complement C1r-like proteinase precursor,
205679_x_at	2,9	Aggrecan 1 (chondroitin sulfate proteoglycan 1, large aggregating proteoglycan, antigen identified by monoclonal antibody A0122)
201262_s_at	2,9	Biglycan
218627_at	2,9	Hypothetical protein FLJ11259
213004_at	2,8	Angiopoietin-like 2
209160_at	2,8	Aldo-keto reductase family 1, member C3 (3-alpha hydroxysteroid dehydrogenase, type II)
218901_at	2,8	Phospholipid scramblase 4
202827_s_at	2,8	AU149305 NT2RM4 Homo sapiens cDNA clone NT2RM4002036 3', mRNA sequence.
221501_x_at	2,8	Nuclear pore complex interacting protein
204538_x_at	2,8	Nuclear pore complex interacting protein
36711_at	2,8	Cluster Incl. AL021977:bK447C4.1 (novel MAFF (v-maf musculoaponeurotic fibrosarcoma (avian) oncogene family, protein F) LIKE protein) / cds=(0,494) / gb=AL021977 / gi=4914526 / ug=Hs.51305 / len=2128
200862_at	2,7	24-dehydrocholesterol reductase
204570_at	2,7	Cytochrome c oxidase subunit VIIa polypeptide 1 (muscle)
221577_x_at	2,7	Prostate differentiation factor
208789_at	2,7	Polymerase I and transcript release factor
204682_at	2,7	Latent transforming growth factor beta binding protein 2
213524_s_at	2,7	Putative lymphocyte G0/G1 switch gene
216333_x_at	2,7	Tenascin XB
205236_x_at	2,7	Superoxide dismutase 3, extracellular
203789_s_at	2,7	Sema domain, immunoglobulin domain (Ig), short basic domain, secreted, (semaphorin) 3C
40850_at	2,7	Human FK-506 binding protein homologue (FKBP38) mRNA, complete cds.
209357_at	2,7	Cbp/p300-interacting transactivator, with Glu/Asp-rich carboxy-terminal domain, 2
204908_s_at	2,7	B-cell CLL/lymphoma 3
219922_s_at	2,6	Latent transforming growth factor beta binding protein 3
202995_s_at	2,6	Fibulin 1
202752_x_at	2,6	Solute carrier family 7 (cationic amino acid transporter, y+ system), member 8
213258_at	2,6	UI-H-BI4-aoi-g-11-0-UI.s1 NCI_CGAP_Sub8 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3085244 3', mRNA sequence.
217161_x_at	2,6	Aggrecan 1 (chondroitin sulfate proteoglycan 1, large aggregating proteoglycan, antigen identified by monoclonal antibody A0122)
201508_at	2,6	Insulin-like growth factor-binding protein 4
213069_at	2,6	qc69c01.x1 Soares_placenta_8to9weeks_2NbHP8to9W Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1714848 3', mRNA sequence.
201843_s_at	2,6	EGF-containing fibulin-like extracellular matrix protein 1
208949_s_at	2,6	Lectin, galactoside-binding, soluble, 3 (galectin 3)
217279_x_at	2,6	Matrix metalloproteinase 14 (membrane-inserted)
220266_s_at	2,6	Kruppel-like factor 4 (gut)
201787_at	2,6	Fibulin 1

ID	cf	Gen
201910_at	2,6	601844779F1 NIH_MGC_55 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4070203 5', mRNA sequence.
215034_s_at	2,6	qd33a01.x1 Soares_placenta_8to9weeks_2NbHP8to9W Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1725480 3' similar to gb:M90657 TUMOR-ASSOCIATED ANTIGEN L6 (HUMAN);, mRNA sequence.
202017_at	2,5	Epoxide hydrolase 1, microsomal (xenobiotic)
216269_s_at	2,5	Elastin (supravalvular aortic stenosis, Williams-Beuren syndrome)
209487_at	2,5	RNA-binding protein gene with multiple splicing
200646_s_at	2,5	Nucleobindin 1
219514_at	2,5	Angiopoietin-like 2
214505_s_at	2,5	Four and a half LIM domains 1
212647_at	2,5	Related RAS viral (r-ras) oncogene homolog
213519_s_at	2,5	oz30d11.x1 Soares_total_fetus_Nb2HF8_9w Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1676853 3' similar to gb:Z26653 MEROSIN HEAVY CHAIN (HUMAN);, mRNA sequence.
219563_at	2,5	Hypothetical protein FLJ21276
207788_s_at	2,5	Vinexin beta (SH3-containing adaptor molecule-1)
204933_s_at	2,5	Tumor necrosis factor receptor superfamily, member 11b (osteoprotegerin)
206093_x_at	2,5	gb:NM_007116.1 /DEF=Homo sapiens tenascin XA (TNXA), mRNA. /FEA=mRNA /GEN=TNXA /PROD=tenascin XA /DB_XREF=gi:6005907 /UG=Hs.283750 tenascin XA /FL=gb:U24488.1 gb:NM_007116.1
216971_s_at	2,4	H.sapiens gene for plectin.
202245_at	2,4	wz24g11.x1 Soares_Dieckgraefe_colon_NHCD Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2559044 3', mRNA sequence.
201540_at	2,4	Four and a half LIM domains 1
219789_at	2,4	ty75e10.x1 NCI_CGAP_Kid11 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2284938 3' similar to gb:M59305 ATRIAL NATRIURETIC PEPTIDE CLEARANCE RECEPTOR PRECURSOR (HUMAN);, mRNA sequence.
206929_s_at	2,4	Nuclear factor I/C (CCAAT-binding transcription factor)
202994_s_at	2,4	Consensus includes gb:Z95331 /DEF=Human DNA sequence from clone CTA-941F9 on chromosome 22q13 Contains the 3 end of the FBLN1 gene for Fibulin 1 isoforms B, C and D, the first exon of the gene for a novel protein (the ortholog of mouse brain protein E46),
220240_s_at	2,4	Hypothetical protein FLJ20623
215706_x_at	2,4	Zyxin
212937_s_at	2,4	ht10a07.x1 NCI_CGAP_Kid13 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3146292 3' similar to TR:Q14041 Q14041 COLLAGEN VI ALPHA-1 N-TERMINAL GLOBULAR DOMAIN PRECURSOR ;, mRNA sequence.
205805_s_at	2,4	Receptor tyrosine kinase-like orphan receptor 1
202828_s_at	2,4	Matrix metalloproteinase 14 (membrane-inserted)
218019_s_at	2,4	Hypothetical protein FLJ21324
219140_s_at	2,4	Retinol-binding protein 4, plasma
220748_s_at	2,3	LDL induced EC protein
217728_at	2,3	S100 calcium-binding protein A6 (calcyclin)
201149_s_at	2,3	Tissue inhibitor of metalloproteinase 3 (Sorsby fundus dystrophy, pseudoinflammatory)
209835_x_at	2,3	CD44 antigen (homing function and Indian blood group system)
203919_at	2,3	Transcription elongation factor A (SII), 2
201061_s_at	2,3	Erythrocyte membrane protein band 7.2 (stomatin)
201983_s_at	2,3	au91e07.x1 Schneider fetal brain 00004 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2783652 3' similar to SW:EGFR_HUMAN P00533 EPIDERMAL GROWTH FACTOR RECEPTOR PRECURSOR ;, mRNA sequence.
200808_s_at	2,3	Zyxin
218918_at	2,3	1,2-alpha-mannosidase IC
218885_s_at	2,3	Hypothetical protein FLJ21212
217730_at	2,3	PP1201 protein
205422_s_at	2,3	Integrin, beta-like 1 (with EGF-like repeat domains)
204780_s_at	2,3	zo93g12.s1 Stratagene ovarian cancer (#937219) Homo sapiens cDNA clone IMAGE:594502 3' similar to gb:M67454 FASL RECEPTOR PRECURSOR (HUMAN);, mRNA sequence.
209834_at	2,3	Carbohydrate (chondroitin 6/keratan) sulfotransferase 3
221998_s_at	2,3	7h71f04.x1 NCI_CGAP_Co16 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3321439 3' similar to contains element MER6 repetitive element ;, mRNA sequence.
212938_at	2,3	ht10a07.x1 NCI_CGAP_Kid13 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3146292 3' similar to TR:Q14041 Q14041 COLLAGEN VI ALPHA-1 N-TERMINAL GLOBULAR DOMAIN PRECURSOR ;, mRNA sequence.
215735_s_at	2,3	Consensus includes gb:AC005600 /DEF=Homo sapiens chromosome 16, P1 clone 109-9G (LANL), complete sequence /FEA=CDS_1 /DB_XREF=gi:3522919 /UG=Hs.90303 tuberous sclerosis 2
202357_s_at	2,3	B-factor, properdin
35626_at	2,3	sulphamidase; Human N-sulphoglucosamine sulphohydrolase mRNA, complete cds.
214211_at	2,2	zn32a06.s1 Stratagene endothelial cell 937223 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:549106 3' similar to gb:L20941 FERRITIN HEAVY CHAIN (HUMAN);, mRNA sequence.
212014_x_at	2,2	CD44 antigen (homing function and Indian blood group system)
204345_at	2,2	Collagen, type XVI, alpha 1
201367_s_at	2,2	qz26f08.x1 NCI_CGAP_CLL1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2028039 3' similar to SW:TISD_HUMAN P47974 TIS11D PROTEIN ;contains element TAR1 TAR1 repetitive element ;, mRNA sequence.
214251_s_at	2,2	qw91a01.x1 NCI_CGAP_Brn35 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1998408 3' similar to TR:Q14981 Q14981 NUMA PROTEIN. ;, mRNA sequence.
218466_at	2,2	Hypothetical protein FLJ12168
201438_at	2,2	Collagen, type VI, alpha 3
64899_at	2,2	zq84h11.s1 Stratagene hNT neuron (#937233) Homo sapiens cDNA clone IMAGE:648357 3', mRNA sequence.
207808_s_at	2,2	Protein S (alpha)
204693_at	2,2	Serum constituent protein
213428_s_at	2,2	zt51a09.s1 Soares ovary tumor NbHOT Homo sapiens cDNA clone IMAGE:725848 3', mRNA sequence.
205856_at	2,2	Solute carrier family 14 (urea transporter), member 1 (Kidd blood group)
210139_s_at	2,2	Peripheral myelin protein 22
208790_s_at	2,2	Polymerase I and transcript release factor
208890_s_at	2,2	Plexin B2
211926_s_at	2,2	wk31a02.x1 NCI_CGAP_Brn25 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2413898 3' similar to gb:M81105 MYOSIN HEAVY

ID	cf	Gen
		CHAIN, NONMUSCLE TYPE A (HUMAN);, mRNA sequence.
210916_s_at	2,2	SEE ALSO
204472_at	2,2	GTP-binding protein overexpressed in skeletal muscle
200628_s_at	2,2	Tryptophanyl-tRNA synthetase
203718_at	2,2	Neuropathy target esterase
212063_at	2,2	601494678F1 NIH_MGC_70 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3896970 5', mRNA sequence.
209675_s_at	2,1	E1B-55kDa-associated protein 5
210299_s_at	2,1	Four and a half LIM domains 1
210298_x_at	2,1	Four and a half LIM domains 1
212940_at	2,1	ht10a07.x1 NCI_CGAP_Kid13 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3146292 3' similar to TR:Q14041 Q14041 COLLAGEN VI ALPHA-1 N-TERMINAL GLOBULAR DOMAIN PRECURSOR ;, mRNA sequence.
221534_at	2,1	Hypothetical protein p5326
209656_s_at	2,1	Brain cell membrane protein 1
217849_s_at	2,1	CDC42-binding protein kinase beta (DMPK-like)
220974_x_at	2,1	Similar to rat tricarboxylate carrier-like protein
219460_s_at	2,1	Hypothetical protein FLJ20507
218537_at	2,1	Hypothetical protein FLJ20568
207002_s_at	2,1	Pleomorphic adenoma gene-like 1
201067_at	2,1	601881048F1 NIH_MGC_57 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4093691 5', mRNA sequence.
202068_s_at	2,1	Low density lipoprotein receptor (familial hypercholesterolemia)
207692_s_at	2,1	Aggrecan 1 (chondroitin sulfate proteoglycan 1, large aggregating proteoglycan, antigen identified by monoclonal antibody A0122)
204731_at	2,1	Transforming growth factor, beta receptor III (betaglycan, 300kD)
203725_at	2,1	Growth arrest and DNA-damage-inducible, alpha
208609_s_at	2,1	Tenascin XB
221900_at	2,1	wf15d05.x1 Soares_NFL_T_GBC_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2350665 3', mRNA sequence.
209291_at	2,1	Inhibitor of DNA binding 4, dominant negative helix-loop-helix protein
202771_at	2,1	KIAA0233 gene product
201332_s_at	2,1	Signal transducer and activator of transcription 6, interleukin-4 induced
201621_at	2,1	Neuroblastoma, suppression of tumorigenicity 1
201481_s_at	2,1	Phosphorylase, glycogen; brain
200601_at	2,1	Actinin, alpha 4
207836_s_at	2,1	RNA-binding protein gene with multiple splicing
201808_s_at	2,1	601571266F1 NIH_MGC_21 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3925601 5', mRNA sequence.
200621_at	2,1	Cysteine and glycine-rich protein 1
209676_at	2,0	Tissue factor pathway inhibitor (lipoprotein-associated coagulation inhibitor)
203769_s_at	2,0	Steroid sulfatase (microsomal), arylsulfatase C, isozyme S
202067_s_at	2,0	td18b10.x1 NCI_CGAP_Co16 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2075995 3', mRNA sequence.
203167_at	2,0	Tissue inhibitor of metalloproteinase 2
202180_s_at	2,0	Major vault protein
218175_at	2,0	Hypothetical protein FLJ22471
201060_x_at	2,0	tp32g06.x1 NCI_CGAP_Ut4 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2189530 3' similar to gb:M81635 ERYTHROCYTE BAND 7 INTEGRAL MEMBRANE PROTEIN (HUMAN);, mRNA sequence.
201809_s_at	2,0	Endoglin (Osler-Rendu-Weber syndrome 1)
204048_s_at	2,0	KIAA0680 gene product
204049_s_at	2,0	KIAA0680 gene product
200675_at	2,0	CD81 antigen (target of antiproliferative antibody 1)
37005_at	2,0	Human mRNA for unknown product, complete cds.
216210_x_at	2,0	zk72e08.s1 Soares_pregnant_uterus_NbHPU Homo sapiens cDNA clone IMAGE:488390 3', mRNA sequence.
217525_at	2,0	xv99d08.x1 NCI_CGAP_Brn53 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2826639 3', mRNA sequence.
201191_at	2,0	ym27b09.s1 Soares infant brain 1NIB Homo sapiens cDNA clone IMAGE:49287 3', mRNA sequence.
203510_at	2,0	602322942F1 NIH_MGC_89 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4425947 5', mRNA sequence.
201412_at	2,0	DKFZP564C1940 protein
209699_x_at	2,0	Aldo-keto reductase family 1, member C2 (dihydrodiol dehydrogenase 2; bile acid binding protein; 3-alpha hydroxysteroid dehydrogenase, type III)
212736_at	2,0	600944717T1 NIH_MGC_17 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2960548 3', mRNA sequence.
209344_at	2,0	Tropomyosin 4
200629_at	2,0	Tryptophanyl-tRNA synthetase
218574_s_at	2,0	LIM and cysteine-rich domains 1
200872_at	2,0	S100 calcium-binding protein A10 (annexin II ligand, calpactin I, light polypeptide (p11))
208978_at	2,0	Cysteine-rich protein 2
205713_s_at	2,0	Cartilage oligomeric matrix protein (pseudoachondroplasia, epiphyseal dysplasia 1, multiple)
221477_s_at	2,0	602133624F1 NIH_MGC_81 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4288756 5', mRNA sequence.
203766_s_at	2,0	Leiomodin 1 (smooth muscle)
201850_at	2,0	Capping protein (actin filament), gelsolin-like
203157_s_at	2,0	Glutaminase
208683_at	2,0	Calpain 2, (m/II) large subunit
207525_s_at	2,0	Chromosome 19 open reading frame 3
200832_s_at	2,0	Stearoyl-CoA desaturase (delta-9-desaturase)
221565_s_at	2,0	Hypothetical protein
200660_at	2,0	S100 calcium-binding protein A11 (calgizzarin)
204646_at	2,0	Dihydropyrimidine dehydrogenase
210973_s_at	1,9	Fibroblast growth factor receptor 1 (fms-related tyrosine kinase 2, Pfeiffer syndrome)
202627_s_at	1,9	AL574210 LTI_NFL006_PL2 Homo sapiens cDNA clone CS0DI039YB02 3 prime, mRNA sequence.
219186_at	1,9	Hypothetical protein DKFZp547O146
201552_at	1,9	Lysosomal-associated membrane protein 1

ID	cf	Gen
218376_s_at	1,9	Hypothetical protein FLJ11937
221725_at	1,9	WAS protein family, member 2
1598_g_at	1,9	Growth arrest-specific 6
210095_s_at	1,9	Insulin-like growth factor binding protein 3
201162_at	1,9	Insulin-like growth factor binding protein 7
209185_s_at	1,9	Insulin receptor substrate 2
221667_s_at	1,9	Protein kinase H11
209940_at	1,9	ADP-ribosyltransferase (NAD+; poly (ADP-ribose) polymerase)-like 3
203562_at	1,9	Fasciculation and elongation protein zeta 1 (zyglin I)
212090_at	1,9	AL571424 LTI_NFL006_PL2 Homo sapiens cDNA clone CS0DI023YH14 3 prime, mRNA sequence.
217890_s_at	1,9	Parvin, alpha
202709_at	1,9	Fibromodulin
208611_s_at	1,9	Spectrin, alpha, non-erythrocytic 1 (alpha-fodrin)
222173_s_at	1,9	Hypothetical protein DKFp761D1823
222138_s_at	1,9	WD repeat domain 13
216598_s_at	1,9	Small inducible cytokine A2 (monocyte chemotactic protein 1, homologous to mouse Sig-je)
200649_at	1,9	Nucleobindin 1
219238_at	1,9	Hypothetical protein FLJ20477
212457_at	1,9	Transcription factor binding to IGHM enhancer 3
204223_at	1,9	Proline arginine-rich end leucine-rich repeat protein
219188_s_at	1,9	LRP16 protein
218656_s_at	1,9	Lipoma HMGIC fusion partner
211136_s_at	1,9	Cleft lip and palate associated transmembrane protein 1
213001_at	1,9	Angiopoietin-like 2
214736_s_at	1,9	601681587F1 NIH_MGC_9 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3951933 5', mRNA sequence.
211160_x_at	1,9	Actinin, alpha 1
220494_s_at	1,9	Lipopolysaccharide specific response-68 protein
202161_at	1,9	Protein kinase C-like 1
210276_s_at	1,8	Putative nuclear protein
212358_at	1,8	DKFZP586N1922 protein
201615_x_at	1,8	AL577531 LTI_NFL006_PL2 Homo sapiens cDNA clone CS0DI087YP20 3 prime, mRNA sequence.
209318_x_at	1,8	602576153F1 NIH_MGC_77 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4704108 5', mRNA sequence.
204306_s_at	1,8	CD151 antigen
204288_s_at	1,8	Arg/Abl-interacting protein ArgBP2
220327_at	1,8	Colon carcinoma related protein
212294_at	1,8	602285343F1 NIH_MGC_86 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4372619 5', mRNA sequence.
200784_s_at	1,8	601888339F1 NIH_MGC_17 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4122417 5', mRNA sequence.
200766_at	1,8	Cathepsin D (lysosomal aspartyl protease)
202072_at	1,8	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein L
218017_s_at	1,8	Hypothetical protein FLJ22242
204546_at	1,8	KIAA0513 gene product
208248_x_at	1,8	Amyloid beta (A4) precursor-like protein 2
222162_s_at	1,8	A disintegrin-like and metalloprotease (repolysin type) with thrombospondin type 1 motif, 1
212822_at	1,8	zk88a11.s1 Soares_pregnant_uterus_NbHPU Homo sapiens cDNA clone IMAGE:489884 3', mRNA sequence.
201551_s_at	1,8	Lysosomal-associated membrane protein 1
202238_s_at	1,8	Nicotinamide N-methyltransferase
218813_s_at	1,8	SH3-domain, GRB2-like, endophilin B2
209183_s_at	1,8	Decidual protein induced by progesterone
221765_at	1,8	602272760F1 NIH_MGC_84 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4360767 5', mRNA sequence.
204151_x_at	1,8	Aldo-keto reductase family 1, member C1 (dihydrodiol dehydrogenase 1; 20-alpha (3-alpha)-hydroxysteroid dehydrogenase)
160020_at	1,8	H.sapiens mRNA for membrane-type matrix metalloproteinase 1.
206200_s_at	1,8	Annexin A11
202237_at	1,8	Nicotinamide N-methyltransferase
204490_s_at	1,8	CD44 antigen (homing function and Indian blood group system)
205880_at	1,8	Protein kinase C, mu
208774_at	1,8	AV700224 GKC Homo sapiens cDNA clone GKCARG01 3', mRNA sequence.
212089_at	1,8	Lamin A/C
221841_s_at	1,8	UI-H-BW1-amw-b-08-0-UI.s1 NCI_CGAP_Sub7 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3071198 3', mRNA sequence.
201302_at	1,8	Annexin A4
219416_at	1,8	CSR1 protein
200985_s_at	1,8	CD59 antigen p18-20 (antigen identified by monoclonal antibodies 16.3A5, EJ16, EJ30, EL32 and G344)
200623_s_at	1,8	Calmodulin 3 (phosphorylase kinase, delta)
213725_x_at	1,8	wd68a05.x1 NCI_CGAP_Lu24 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2336720 3', mRNA sequence.
203238_s_at	1,8	Notch (Drosophila) homolog 3
217967_s_at	1,8	Chromosome 1 open reading frame 24
202588_at	1,8	Adenylate kinase 1
209356_x_at	1,8	EGF-containing fibulin-like extracellular matrix protein 2
203392_s_at	1,8	C-terminal binding protein 1
202367_at	1,8	Cut (Drosophila)-like 1 (CCAAT displacement protein)
201506_at	1,8	Transforming growth factor, beta-induced, 68kD
216594_x_at	1,8	Aldo-keto reductase family 1, member C1 (dihydrodiol dehydrogenase 1; 20-alpha (3-alpha)-hydroxysteroid dehydrogenase)
212223_at	1,8	Popeye protein 3
204781_s_at	1,8	Tumor necrosis factor receptor superfamily, member 6
204497_at	1,7	Adenylate cyclase 9

ID	cf	Gen
209364_at	1,7	BCL2-antagonist of cell death
201885_s_at	1,7	gb:NM_000398.3 /DEF=Homo sapiens diaphorase (NADH) (cytochrome b-5 reductase) (DIA1), nuclear gene encoding mitochondrial protein, transcript variant M, mRNA. /FEA=mRNA /GEN=DIA1 /PROD=cytochrome b5 reductase, membrane-bound isoform /DB_XREF=gi:6552326 /
208626_s_at	1,7	Membrane protein of cholinergic synaptic vesicles
221892_at	1,7	SEE ALSO
209655_s_at	1,7	tc15a07.x1 Soares_NhHMPu_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2063892 3', mRNA sequence.
202759_s_at	1,7	601484628F1 NIH_MGC_69 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3887262 5', mRNA sequence.
202336_s_at	1,7	Peptidylglycine alpha-amidating monooxygenase
218000_s_at	1,7	Pleckstrin homology-like domain, family A, member 1
209184_s_at	1,7	602127569F1 NIH_MGC_56 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4284401 5', mRNA sequence.
217226_s_at	1,7	Paired mesoderm homeo box 1
207239_s_at	1,7	PCTAIRE protein kinase 1
212646_at	1,7	KIAA0084 protein
222221_x_at	1,7	EH-domain containing 1
207722_s_at	1,7	BTB (POZ) domain containing 2
203570_at	1,7	Lysyl oxidase-like 1
202208_s_at	1,7	ADP-ribosylation factor-like 7
205357_s_at	1,7	Angiotensin receptor 1
217995_at	1,7	CGI-44 protein; sulfide dehydrogenase like (yeast)
202363_at	1,7	Sparc/osteonectin, cwcv and kazal-like domains proteoglycan (testican)
207943_x_at	1,7	Pleiomorphic adenoma gene-like 1
204575_s_at	1,7	Matrix metalloproteinase 19
51192_at	1,7	zo23d02.s1 Stratagene colon (#937204) Homo sapiens cDNA clone IMAGE:587715 3', mRNA sequence.
201301_s_at	1,7	Annexin A4
200752_s_at	1,7	Calpain 1, (mu/I) large subunit
201482_at	1,7	Quiescin Q6
201553_s_at	1,7	Lysosomal-associated membrane protein 1
201968_s_at	1,7	Phosphoglucomutase 1
217286_s_at	1,7	N-myc downstream-regulated gene 3
219165_at	1,7	PDZ-LIM protein mystique
200838_at	1,7	Cathepsin B
205781_at	1,7	Chromosome 16 open reading frame 7
218849_s_at	1,7	RelA-associated inhibitor
219973_at	1,7	Hypothetical protein FLJ23548
210751_s_at	1,7	Regucalcin (senescence marker protein-30)
209878_s_at	1,7	V-rel avian reticuloendotheliosis viral oncogene homolog A (nuclear factor of kappa light polypeptide gene enhancer in B-cells 3 (p65))
206315_at	1,7	Cytokine receptor-like factor 1
211433_x_at	1,7	Hypothetical protein FLJ11560
204932_at	1,7	7q56c10.x1 NCI_CGAP_Lu24 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3702163 3', mRNA sequence.
201050_at	1,7	Similar to vaccinia virus HindIII K4L ORF
209117_at	1,7	WW domain binding protein 2
203476_at	1,7	Trophoblast glycoprotein
204489_s_at	1,7	CD44 antigen (homing function and Indian blood group system)
217844_at	1,7	Nuclear LIM interactor-interacting factor
202760_s_at	1,7	A kinase (PRKA) anchor protein 2
209121_x_at	1,7	Nuclear receptor subfamily 2, group F, member 2
213986_s_at	1,7	te32c02.x1 Soares_NFL_T_GBC_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2087618 3' similar to TR:O60392 O60392 R32184_3.; mRNA sequence.
204925_at	1,7	Cystinosis, nephropathic
214927_at	1,7	SEE ALSO
204422_s_at	1,7	Fibroblast growth factor 2 (basic)
212005_at	1,6	DKFZP566C0424 protein
209365_s_at	1,6	Extracellular matrix protein 1
208704_x_at	1,6	Amyloid beta (A4) precursor-like protein 2
215719_x_at	1,6	Tumor necrosis factor receptor superfamily, member 6
209094_at	1,6	match: proteins: Tr:O08557 Tr:O94760 Tr:O08972 Tr:O95865; Human DNA sequence from clone RP4-621F18 on chromosome 1p11.4-21.3. Contains the 3' end of the gene for ng,ng dimethylarginine dimethylaminohydrolase (EC 3.5.3.18), ESTs, STSs and GSSs, complete sequence.
203411_s_at	1,6	Lamin A/C
205990_s_at	1,6	Wingless-type MMTV integration site family, member 5A
218686_s_at	1,6	Hypothetical protein FLJ22357 similar to epidermal growth factor receptor-related protein
211813_x_at	1,6	Decorin
222175_s_at	1,6	PC2 (positive cofactor 2, multiprotein complex) glutamine/Q-rich-associated protein
215760_s_at	1,6	Human phospholipid hydroperoxide glutathione peroxidase gene; PHOSPHOLIPID HYDROPEROXIDE GLUTATHIONE PEROXIDASE;
204420_at	1,6	602365892F1 NIH_MGC_90 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4474055 5', mRNA sequence.
201185_at	1,6	Protease, serine, 11 (IGF binding)
201984_s_at	1,6	Epidermal growth factor receptor (avian erythroblastic leukemia viral (v-erb-b) oncogene homolog)
218706_s_at	1,6	UI-HF-BM0-adp-a-04-0-UI.s1 NIH_MGC_38 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3062287 3', mRNA sequence.
203729_at	1,6	Epithelial membrane protein 3
212481_s_at	1,6	ap29d10.x1 Schiller astrocytoma Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1956787 3' similar to gb:X05276_cds1 TROPOMYOSIN, FIBROBLAST NON-MUSCLE TYPE (HUMAN);, mRNA sequence.
215411_s_at	1,6	Human DNA sequence from PAC 487J7 on chromosome 6q21-22.1. Contains an unknown gene coding for three alternative mRNAs. Contains ESTs, STSs, a BAC end-sequence (GSS) and a CA repeat polymorphism.
201368_at	1,6	qz26f08.x1 NCI_CGAP_CLL1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2028039 3' similar to SW:TISD_HUMAN P47974

ID	cf	Gen
		TIS11D PROTEIN ;contains element TAR1 TAR1 repetitive element ;, mRNA sequence.
206649_s_at	1,6	Transcription factor binding to IGHM enhancer 3
219038_at	1,6	Hypothetical protein FLJ11565
201893_x_at	1,6	Decorin
209335_at	1,6	qu47e10.x1 NCL_CGAP_Lym6 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1967946 3', mRNA sequence.
214783_s_at	1,6	602327839F1 NIH_MGC_91 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4429256 5', mRNA sequence.
204928_s_at	1,6	Protein P3
202991_at	1,6	Steroidogenic acute regulatory protein related
221269_s_at	1,6	SH3 domain binding glutamic acid-rich protein like 3
218215_s_at	1,6	Nuclear receptor subfamily 1, group H, member 2
209147_s_at	1,6	Phosphatidic acid phosphatase type 2A
32502_at	1,6	DKFZp434D0316_s1 434 (synonym: htes3) Homo sapiens cDNA clone DKFZp434D0316 3', mRNA sequence.
209651_at	1,6	Hypothetical protein
213606_s_at	1,6	tn19h05.x1 NCL_CGAP_Brn25 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2168121 3' similar to SW:GDIR_HUMAN P52565 RHO GDP-DISSOCIATION INHIBITOR 1 ;, mRNA sequence.
209002_s_at	1,6	KIAA1536 protein
202054_s_at	1,6	Aldehyde dehydrogenase 3 family, member A2
209263_x_at	1,6	Transmembrane 4 superfamily member 7
212146_at	1,6	KIAA0842 protein
212086_x_at	1,6	Lamin A/C
202552_s_at	1,6	Cysteine-rich motor neuron 1
201325_s_at	1,6	Epithelial membrane protein 1
217744_s_at	1,6	P53-induced protein PIGPC1
201141_at	1,6	Glycoprotein (transmembrane) nmb
202551_s_at	1,6	602574066F1 NIH_MGC_77 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4702049 5', mRNA sequence.
211896_s_at	1,6	Decorin
213244_at	1,6	ao89d03.x1 Schiller meningioma Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1953029 3' similar to contains PTR5.b2 PTR5 PTR5 repetitive element ;, mRNA sequence.
218153_at	1,6	Hypothetical protein FLJ12118
216080_s_at	1,6	Hypothetical protein of unknown function
212942_s_at	1,6	KIAA1199 protein
201331_s_at	1,6	Signal transducer and activator of transcription 6, interleukin-4 induced
212717_at	1,6	KIAA0356 gene product
200931_s_at	1,6	Vinculin
202572_s_at	1,6	KIAA0964 protein
203688_at	1,6	Polycystic kidney disease 2 (autosomal dominant)
220794_at	1,6	Hypothetical protein FLJ21195 similar to protein related to DAC and cerberus
201140_s_at	1,6	RAB5C, member RAS oncogene family
34478_at	1,6	H.sapiens YPT3 mRNA.
209297_at	1,6	Intersectin 1 (SH3 domain protein)
212045_at	1,6	Golgi apparatus protein 1
212271_at	1,6	zp99f06.s1 Stratagene muscle 937209 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:628355 3', mRNA sequence.
202255_s_at	1,6	KIAA0440 protein
212509_s_at	1,5	602269121F1 NIH_MGC_84 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4357349 5', mRNA sequence.
209457_at	1,5	Dual specificity phosphatase 5
202273_at	1,5	Platelet-derived growth factor receptor, beta polypeptide
212969_x_at	1,5	hu49a11.x1 NCL_CGAP_Brn41 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3173372 3' similar to contains TAR1.t2 TAR1 repetitive element ;, mRNA sequence.
209241_x_at	1,5	Misshapen/NIK-related kinase
218373_at	1,5	Fused toes (mouse) homolog
208131_s_at	1,5	Prostaglandin I2 (prostacyclin) synthase
211876_x_at	1,5	Protocadherin gamma subfamily A, 11
202795_x_at	1,5	Putative nuclear protein
212463_at	1,5	601236272F1 NIH_MGC_44 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3608680 5', mRNA sequence.
205640_at	1,5	Aldehyde dehydrogenase 3 family, member B1
201126_s_at	1,5	Mannosyl (alpha-1,3-)-glycoprotein beta-1,2-N-acetylglucosaminyltransferase
209283_at	1,5	Crystallin, alpha B
212135_s_at	1,5	xs86d05.x1 NCL_CGAP_Ut2 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2776521 3', mRNA sequence.
208703_s_at	1,5	Amyloid beta (A4) precursor-like protein 2
221893_s_at	1,5	yw85g05.s1 Soares_placenta_8to9weeks_2NbHP8to9W Homo sapiens cDNA clone IMAGE:259064 3', mRNA sequence.
203442_x_at	1,5	zv18e01.s1 Soares_NhHMPu_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:754008 3' similar to TR:G602424 G602424 77 KD ECHINODERM MICROTUBULE-ASSOCIATED PROTEIN. ;, mRNA sequence.
212077_at	1,5	AL583520 LTI_NFL003_NBC3 Homo sapiens cDNA clone CS0DC024YE13 5 prime, mRNA sequence.
219053_s_at	1,5	Hypothetical protein FLJ20847
213746_s_at	1,5	wz04a05.x1 NCL_CGAP_Brn23 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2557040 3' similar to gb:X53416 ENDOTHELIAL ACTIN-BINDING PROTEIN (HUMAN);, mRNA sequence.
216041_x_at	1,5	Granulin
216603_at	1,5	Solute carrier family 7 (cationic amino acid transporter, y+ system), member 8
200707_at	1,5	Protein kinase C substrate 80K-H
204906_at	1,5	Ribosomal protein S6 kinase, 90kD, polypeptide 2
202701_at	1,5	Bone morphogenetic protein 1
221785_at	1,5	Hypothetical protein DKFZp547M136 similar to widely-interspaced zinc finger motifs
201539_s_at	1,5	Four and a half LIM domains 1
205100_at	1,5	Glutamine-fructose-6-phosphate transaminase 2
214992_s_at	1,5	Consensus includes gb:AD000092 /DEF=Homo sapiens DNA from chromosome 19p13.2 cosmid R31240, R30272 and R28549 containing the EKLF, GCDH, CRTG, and RAD23A genes, genomic sequence /FEA=CDS_1

ID	cf	Gen
		/DB_XREF=gi:1905905 /UG=Hs.307251 Homo sapiens DNA from chromosom
202073_at	1,5	AV757675 BM Homo sapiens cDNA clone BMFAVB12 5', mRNA sequence.
201911_s_at	1,5	FERM, RhoGEF (ARHGEF) and pleckstrin domain protein 1 (chondrocyte-derived)
201471_s_at	1,5	Sequestosome 1
212830_at	1,5	7n52g03.x1 NCI_CGAP_Lu24 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3568324 3', mRNA sequence.
206050_s_at	1,5	Ribonuclease/angiogenin inhibitor
212041_at	1,5	AL566172 LTI_FL013_FBrn1 Homo sapiens cDNA clone CS0DF022YE19 3 prime, mRNA sequence.
201201_at	1,5	Cystatin B (stefin B)
216352_x_at	1,5	Protocadherin gamma subfamily A, 3
212895_s_at	1,5	AL527773 LTI_NFL003_NBC3 Homo sapiens cDNA clone CS0DC026YF10 3 prime, mRNA sequence.
212268_at	1,5	Serine (or cysteine) proteinase inhibitor, clade B (ovalbumin), member 1
213807_x_at	1,5	Met proto-oncogene (hepatocyte growth factor receptor)
208818_s_at	1,5	Catechol-O-methyltransferase
217122_s_at	1,5	NAD kinase
202378_s_at	1,5	Leptin receptor gene-related protein

ID: Affymetrix-Identität. cf: change fold.

Tabelle 54: Genliste Muster 4 (n=71; 4.1.3.4).

ID	cf	Gen
209875_s_at	4,4	Secreted phosphoprotein 1 (osteopontin, bone sialoprotein I, early T-lymphocyte activation 1)
203936_s_at	4,0	Matrix metalloproteinase 9 (gelatinase B, 92kD gelatinase, 92kD type IV collagenase)
203362_s_at	3,9	MAD2 (mitotic arrest deficient, yeast, homolog)-like 1
204146_at	3,6	601660074R1 NIH_MGC_71 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3905635 3', mRNA sequence.
213416_at	2,9	602580263F1 NIH_MGC_61 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4718390 5', mRNA sequence.
213435_at	2,6	KIAA1034 protein
203276_at	2,6	Lamin B1
203560_at	2,4	Gamma-glutamyl hydrolase (conjugase, folylpolyglutammaglutamyl hydrolase)
205347_s_at	2,3	Thymosin, beta, identified in neuroblastoma cells
218499_at	2,3	Serine/threonine protein kinase MASK
44783_s_at	2,3	yh15e02.s1 Soares infant brain 1NIB Homo sapiens cDNA clone IMAGE:37665 3', mRNA sequence.
203743_s_at	2,2	Thymine-DNA glycosylase
204170_s_at	2,2	CDC28 protein kinase 2
218585_s_at	2,2	RA-regulated nuclear matrix-associated protein
208694_at	2,2	
210293_s_at	2,1	Sec23 (S. cerevisiae) homolog B
209172_s_at	2,1	Centromere protein F (350/400kD, mitotin)
209199_s_at	2,0	yw34e10.s1 Morton Fetal Cochlea Homo sapiens cDNA clone IMAGE:254154 3', mRNA sequence.
37892_at	2,0	alpha-1 (type XI) collagen precursor; Human alpha-1 type XI collagen (COL11A1) mRNA, complete cds.
222039_at	2,0	zt56d09.s1 Soares ovary tumor NbHOT Homo sapiens cDNA clone IMAGE:726353 3' similar to gb:X53795_rna1 INDUCIBLE MEMBRANE PROTEIN R2 (HUMAN);, mRNA sequence.
215071_s_at	2,0	Consensus includes gb:AL353759 /DEF=Human DNA sequence from clone RP1-221C16 on chromosome 6. Contains two genes for novel histone 4 family members, two genes for novel histone 1 family members, three genes for novel histone 2B family members, a gene for
204320_at	1,9	Collagen, type XI, alpha 1
216973_s_at	1,9	Homeo box B7
209576_at	1,9	Guanine nucleotide binding protein (G protein), alpha inhibiting activity polypeptide 1
218883_s_at	1,9	Hypothetical protein FLJ23468
209200_at	1,9	yw34e10.s1 Morton Fetal Cochlea Homo sapiens cDNA clone IMAGE:254154 3', mRNA sequence.
203917_at	1,9	Coxsackie virus and adenovirus receptor
218397_at	1,9	Hypothetical protein FLJ10335
210543_s_at	1,9	gb:U34994.3 /DEF=Homo sapiens DNA dependent protein kinase catalytic subunit (PRKDC) mRNA, complete cds; alternatively spliced. /FEA=mRNA /GEN=PRKDC /PROD=DNA dependent protein kinase catalytic subunit /DB_XREF=gi:13606055 /UG=Hs.155637 protein kinase, D
204258_at	1,8	Chromodomain helicase DNA binding protein 1
207030_s_at	1,8	Cysteine and glycine-rich protein 2
209398_at	1,8	H1 histone family, member 2
208895_s_at	1,8	DEAD/H (Asp-Glu-Ala-Asp/His) box polypeptide 18 (Myc-regulated)
218326_s_at	1,8	G protein-coupled receptor 48
211340_s_at	1,8	Melanoma cell adhesion molecule
205375_at	1,8	MyoD family inhibitor
212449_s_at	1,8	602387785F1 NIH_MGC_93 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4516701 5', mRNA sequence.
217428_s_at	1,8	H.sapiens type X collagen gene.
213413_at	1,8	602506106F1 NIH_MGC_79 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4603513 5', mRNA sequence.
212637_s_at	1,8	601820701F1 NIH_MGC_58 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4052256 5', mRNA sequence.
213253_at	1,8	AU154486 NT2RP4 Homo sapiens cDNA clone NT2RP4001238 3', mRNA sequence.
205080_at	1,8	Retinoic acid receptor, beta
201407_s_at	1,7	qe82f01.x1 Soares_fetal_lung_NbHL19W Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1745497 3', mRNA sequence.
201437_s_at	1,7	Eukaryotic translation initiation factor 4E
202666_s_at	1,7	BAF53

ID	cf	Gen
209023_s_at	1,7	Stromal antigen 2
212709_at	1,7	KIAA0197 protein
212541_at	1,7	AL562282 LTI_NFL003_NBC3 Homo sapiens cDNA clone CS0DC003YN02 3 prime, mRNA sequence.
203132_at	1,7	Retinoblastoma 1 (including osteosarcoma)
212569_at	1,6	ak52e09.s1 Soares_testis_NHT Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1409608 3', mRNA sequence.
218905_at	1,6	Hypothetical protein FLJ20530
219304_s_at	1,6	Spinal cord-derived growth factor-B
220952_s_at	1,6	Phosphoinositol 3-phosphate-binding protein-2
202502_at	1,6	Acyl-Coenzyme A dehydrogenase, C-4 to C-12 straight chain
207370_at	1,6	Integrin-binding sialoprotein (bone sialoprotein, bone sialoprotein II)
214039_s_at	1,6	IB1875 Infant brain, Bento Soares Homo sapiens cDNA 3'end, mRNA sequence.
220147_s_at	1,6	TERA protein
201713_s_at	1,6	RAN binding protein 2
201117_s_at	1,6	Carboxypeptidase E
201970_s_at	1,6	Nuclear autoantigenic sperm protein (histone-binding)
201074_at	1,6	nn16d01.s1 NCI_CGAP_Co12 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1084033 3', mRNA sequence.
203341_at	1,6	CCAAT-box-binding transcription factor
212919_at	1,6	AV715578 DCB Homo sapiens cDNA clone DCBBJG09 5', mRNA sequence.
201038_s_at	1,6	601347428F1 NIH_MGC_8 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3688350 5', mRNA sequence.
202491_s_at	1,5	Inhibitor of kappa light polypeptide gene enhancer in B-cells, kinase complex-associated protein
203359_s_at	1,5	AL525412 LTI_NFL003_NBC3 Homo sapiens cDNA clone CS0DC011YJ12 5 prime, mRNA sequence.
217985_s_at	1,5	zn42c01.s1 Stratagene endothelial cell 937223 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:550080 3', mRNA sequence.
217986_s_at	1,5	Bromodomain adjacent to zinc finger domain, 1A
214290_s_at	1,5	zv75c06.r1 Soares_total_fetus_Nb2HF8_9w Homo sapiens cDNA clone IMAGE:759466 5' similar to gb:L19779 HISTONE H2A.1 (HUMAN);, mRNA sequence.
200608_s_at	1,5	RAD21 (S. pombe) homolog
202557_at	1,5	as43b01.x1 Barstead aorta HPLRB6 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2319913 3', mRNA sequence.

ID: Affymetrix-Identität. cf: change fold.

Tabelle 55: Genliste Muster 5 (n=140; 4.1.3.5).

ID	cf	Gen
218723_s_at	5,0	RGC32 protein
202295_s_at	4,3	Cathepsin H
203323_at	4,2	7n95b04.x1 NCI_CGAP_Brn23 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3562710 3', mRNA sequence.
201466_s_at	3,8	V-jun avian sarcoma virus 17 oncogene homolog
204446_s_at	3,8	Arachidonate 5-lipoxygenase
201041_s_at	3,5	Dual specificity phosphatase 1
214329_x_at	3,3	xs95h07.x1 NCI_CGAP_Ut4 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2777437 3' similar to contains Alu repetitive element;contains element HGR repetitive element ;, mRNA sequence.
200795_at	3,3	SPARC-like 1 (mast9, hevin)
217979_at	3,2	Tetraspan NET-6 protein
213975_s_at	3,2	AV711904 DCA Homo sapiens cDNA clone DCAAIE08 5', mRNA sequence.
209047_at	3,0	AL518391 LTI_NFL011_NBC1 Homo sapiens cDNA clone CS0DA009YJ21 3 prime, mRNA sequence.
201464_x_at	2,9	602535931T1 NIH_MGC_41 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4684998 3', mRNA sequence.
201328_at	2,9	AL575509 LTI_NFL006_PL2 Homo sapiens cDNA clone CS0DI059YP21 3 prime, mRNA sequence.
201739_at	2,9	Serum/glucocorticoid regulated kinase
209619_at	2,9	CD74 antigen (invariant polypeptide of major histocompatibility complex, class II antigen-associated)
207131_x_at	2,9	Gamma-glutamyltransferase 1
212372_at	2,8	SEE ALSO
202291_s_at	2,8	Matrix Gla protein
211998_at	2,7	H3 histone, family 3B (H3.3B)
213158_at	2,6	SEE ALSO
208894_at	2,6	Major histocompatibility complex, class II, DR alpha
219274_at	2,6	Transmembrane 4 superfamily member (tetraspan NET-2)
201694_s_at	2,6	Early growth response 1
215193_x_at	2,6	Major histocompatibility complex, class II, DR beta 5
201651_s_at	2,5	Protein kinase C and casein kinase substrate in neurons 2
209312_x_at	2,5	Major histocompatibility complex, class II, DR beta 1
217757_at	2,4	gb:Nm_000014.3 /DEF=Homo sapiens alpha-2-macroglobulin (A2M), mRNA. /FEA=mRNA /GEN=A2M /PROD=alpha 2 macroglobulin precursor /DB_XREF=gi:6226959 /UG=Hs.74561 alpha-2-macroglobulin /FL=gb:M11313.1 gb:Nm_000014.3
209267_s_at	2,4	Up-regulated by BCG-CWS
209465_x_at	2,4	AL565812 LTI_FL013_FBrn1 Homo sapiens cDNA clone CS0DF008YL14 3 prime, mRNA sequence.
219014_at	2,3	Hypothetical protein
204018_x_at	2,3	Hemoglobin, alpha 1
202761_s_at	2,3	Synaptic nuclei expressed gene 2
212950_at	2,3	KIAA0758 protein
208729_x_at	2,3	Major histocompatibility complex, class I, B
217414_x_at	2,3	Human alpha-globin gene with flanks.

ID	cf	Gen
211911_x_at	2,3	gb:L07950.1 /DEF=Homo sapiens MHC class I HLA B71 mRNA, complete cds. /FEA=CDS /GEN=HLA-B /PROD=MHC HLA B71 /DB_XREF=gi:307236 /FL=gb:L07950.1
217478_s_at	2,3	H.sapiens HLA-DMA gene.
213844_at	2,3	Homeo box A5
214459_x_at	2,2	Cw1 antigen
211745_x_at	2,2	Hemoglobin, alpha 2
210839_s_at	2,2	Ectonucleotide pyrophosphatase/phosphodiesterase 2 (autotaxin)
209392_at	2,2	Ectonucleotide pyrophosphatase/phosphodiesterase 2 (autotaxin)
208306_x_at	2,2	Major histocompatibility complex, class II, DR beta 4
218309_at	2,2	Hypothetical protein PRO1489
204670_x_at	2,2	Major histocompatibility complex, class II, DR beta 5
208982_at	2,2	UI-HF-BK0-aab-h-05-0-UI.s1 NIH_MGC_36 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3053409 3', mRNA sequence.
201010_s_at	2,1	Thioredoxin interacting protein
209290_s_at	2,1	Nuclear factor I/B
213135_at	2,1	SEE ALSO
201242_s_at	2,1	ATPase, Na+/K+ transporting, beta 1 polypeptide
215726_s_at	2,1	Cytochrome b-5
202388_at	2,1	Regulator of G-protein signalling 2, 24kD
208634_s_at	2,1	Actin cross-linking factor
202081_at	2,1	Immediate early protein
210512_s_at	2,1	Vascular endothelial growth factor
201137_s_at	2,1	Major histocompatibility complex, class II, DP beta 1
205383_s_at	2,1	Zinc finger protein 288
203640_at	2,1	hs98f09.x1 NCI_CGAP_Kid13 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3145289 3', mRNA sequence.
209458_x_at	2,1	Hemoglobin, alpha 2
218640_s_at	2,0	Phafin 2
201925_s_at	2,0	Decay accelerating factor for complement (CD55, Cromer blood group system)
211990_at	2,0	Major histocompatibility complex, class II, DP alpha 1
200905_x_at	2,0	Major histocompatibility complex, class I, E
201811_x_at	2,0	SH3-domain binding protein 5 (BTK-associated)
203549_s_at	2,0	Lipoprotein lipase
213281_at	2,0	hw08a05.x1 NCI_CGAP_Lu24 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3182288 3' similar to contains element MSR1 repetitive element ;, mRNA sequence.
208886_at	2,0	H1 histone family, member 0
204197_s_at	1,9	Runt-related transcription factor 3
201785_at	1,9	Ribonuclease, RNase A family, 1 (pancreatic)
201009_s_at	1,9	Thioredoxin interacting protein
214953_s_at	1,9	Amyloid beta (A4) precursor protein (protease nexin-II, Alzheimer disease)
221645_s_at	1,9	Zinc finger protein 83 (HPF1)
207358_x_at	1,9	Actin cross-linking factor
212327_at	1,8	KIAA1102 protein
214414_x_at	1,8	yb30b11.s1 Stratagene fetal spleen (#937205) Homo sapiens cDNA clone IMAGE:72669 3' similar to similar to gb:V00493_ma1 HEMOGLOBIN ALPHA CHAIN (HUMAN), mRNA sequence.
204122_at	1,8	TYRO protein tyrosine kinase binding protein
203097_s_at	1,8	PDZ domain containing guanine nucleotide exchange factor(GEF)1
202241_at	1,8	Phosphoprotein regulated by mitogenic pathways
201422_at	1,8	Interferon, gamma-inducible protein 30
209841_s_at	1,8	Leucine-rich repeat protein, neuronal 3
205269_at	1,8	qa47g03.x1 Soares_NhHMPu_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1689940 3' similar to TR:Q13094 Q13094 SLP-76 TYROSINE PHOSPHOPROTEIN. ;, mRNA sequence.
217232_x_at	1,8	Homo sapiens mutant beta-globin (HBB) gene, complete cds.
212096_s_at	1,8	KIAA1288 protein
209116_x_at	1,8	Hemoglobin, beta
205003_at	1,8	KIAA0716 gene product
203753_at	1,8	Transcription factor 4
221750_at	1,8	602326096F1 NIH_MGC_90 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4414319 5', mRNA sequence.
201296_s_at	1,8	DKFZP564A122 protein
204362_at	1,8	Src family associated phosphoprotein 2
203637_s_at	1,8	Midline 1 (Opitz/BBB syndrome)
201288_at	1,8	Rho GDP dissociation inhibitor (GDI) beta
205633_s_at	1,8	Aminolevulinate, delta-, synthase 1
218353_at	1,8	MSTP032 protein
211996_s_at	1,7	602370041F1 NIH_MGC_92 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4478098 5', mRNA sequence.
211699_x_at	1,7	Hemoglobin, alpha 1
212254_s_at	1,7	602363756F1 NIH_MGC_90 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4472293 5', mRNA sequence.
212779_at	1,7	KIAA1109 protein
201487_at	1,7	Cathepsin C
219848_s_at	1,7	KIAA0798 gene product
205525_at	1,7	gb:NM_018495.3 /DEF=Homo sapiens NAG22 protein (LOC55873), mRNA. /FEA=mRNA /GEN=LOC55873 /PROD=NAG22 protein /DB_XREF=gi:13236500 /UG=Hs.283080 NAG22 protein /FL=gb:AF247820.3 gb:NM_018495.3
201432_at	1,7	Catalase
215016_x_at	1,7	KIAA0728 protein
209436_at	1,7	Spondin 1, (f-spondin) extracellular matrix protein
219315_s_at	1,7	Hypothetical protein FLJ20898
207574_s_at	1,7	Growth arrest and DNA-damage-inducible, beta
203020_at	1,7	KIAA0471 gene product

ID	cf	Gen
218232_at	1,7	Complement component 1, q subcomponent, alpha polypeptide
211696_x_at	1,7	Hemoglobin, beta
209004_s_at	1,7	F-box and leucine-rich repeat protein 5
213496_at	1,7	h44d09.x1 Soares_NFL_T_GBC_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2934737 3', mRNA sequence.
208892_s_at	1,7	Dual specificity phosphatase 6
202393_s_at	1,6	TGFB inducible early growth response
222146_s_at	1,6	Transcription factor 4
205656_at	1,6	Protocadherin 17
213348_at	1,6	yy35b09.s1 Soares melanocyte 2NbHM Homo sapiens cDNA clone IMAGE:273209 3', mRNA sequence.
213891_s_at	1,6	wo87f01.x1 NCI_CGAP_Kid11 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2462329 3' similar to contains element LTR3 repetitive element ;, mRNA sequence.
219862_s_at	1,6	Nuclear prelamin A recognition factor
211277_x_at	1,6	Amyloid beta (A4) precursor protein (protease nexin-II, Alzheimer disease)
209607_x_at	1,6	Sulfotransferase family, cytosolic, 1A, phenol-preferring, member 3
212450_at	1,6	KIAA0256 gene product
203615_x_at	1,6	Sulfotransferase family, cytosolic, 1A, phenol-preferring, member 1
203185_at	1,6	Ras association (RalGDS/AF-6) domain family 2
204959_at	1,6	Myeloid cell nuclear differentiation antigen
200670_at	1,6	X-box binding protein 1
220088_at	1,6	Complement component 5 receptor 1 (C5a ligand)
200797_s_at	1,6	Myeloid cell leukemia sequence 1 (BCL2-related)
202423_at	1,6	Zinc finger protein 220
201861_s_at	1,6	602277032F1 NIH_MGC_86 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4364790 5', mRNA sequence.
200602_at	1,5	Amyloid beta (A4) precursor protein (protease nexin-II, Alzheimer disease)
202878_s_at	1,5	Complement component 1, q subcomponent, receptor 1
212884_x_at	1,5	qy24a09.x1 NCI_CGAP_Brn23 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2012920 3' similar to gb:M12529 APOLIPOPROTEIN E PRECURSOR (HUMAN);contains PTR5.t3 TAR1 repetitive element ;, mRNA sequence.
210592_s_at	1,5	Spermidine/spermine N1-acetyltransferase
215111_s_at	1,5	Transforming growth factor beta-stimulated protein TSC-22
209771_x_at	1,5	nz09g03.s1 NCI_CGAP_GCB1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1287316 3' similar to gb:M57627 INTERLEUKIN-10 PRECURSOR (HUMAN);, mRNA sequence.
201416_at	1,5	SRY (sex determining region Y)-box 4
203932_at	1,5	Major histocompatibility complex, class II, DM beta
212588_at	1,5	we96c09.x1 Soares_NFL_T_GBC_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2348944 3' similar to gb:Y00638 LEUKOCYTE COMMON ANTIGEN PRECURSOR (HUMAN);, mRNA sequence.
202193_at	1,5	LIM domain kinase 2
204006_s_at	1,5	Fc fragment of IgG, low affinity IIIb, receptor for (CD16)
212636_at	1,5	match: proteins O42476 Q94539; match: protein O88972; match: cDNA AF091047

ID: Affymetrix-Identität. cf: change fold.

Tabelle 56: Genliste Muster 6 (n=639; 4.1.3.6).

ID	cf	Gen
201387_s_at	6,1	Ubiquitin carboxyl-terminal esterase L1 (ubiquitin thiolesterase)
202952_s_at	4,4	A disintegrin and metalloproteinase domain 12 (meltrin alpha)
202503_s_at	4,4	KIAA0101 gene product
217771_at	4,4	Golgi phosphoprotein 2
214954_at	4,3	602148677F1 NIH_MGC_62 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4307442 5', mRNA sequence.
209773_s_at	4,0	Ribonucleotide reductase M2 polypeptide
218542_at	3,9	Hypothetical protein FLJ10540
219837_s_at	3,8	Cytokine-like protein C17
217142_at	3,6	Eukaryotic translation elongation factor 1 alpha 1
200806_s_at	3,4	601111293F1 NIH_MGC_16 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3352031 5', mRNA sequence.
214173_x_at	3,4	xu89a06.x1 NCI_CGAP_Ut2 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2808850 3' similar to TR:O94763 O94763 RPB5 MEIDATING PROTEIN. mRNA sequence.
219729_at	3,4	Paired related homeobox protein
214452_at	3,2	Brached chain aminotransferase 1, cytosolic
221923_s_at	3,2	zp81c10.s1 Stratagene HeLa cell s3 937216 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:626610 3' similar to gb:M23613 NUCLEOLAR PHOSPHOPROTEIN B23 (HUMAN);, mRNA sequence.
221691_x_at	3,2	Nucleophosmin (nucleolar phosphoprotein B23, numatrin)
202868_s_at	3,0	POP4 (processing of precursor, S. cerevisiae) homolog
201909_at	2,9	Ribosomal protein S4, Y-linked
217919_s_at	2,8	601467749F1 NIH_MGC_67 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3870636 5', mRNA sequence.
200658_s_at	2,8	AL560017 LTI_FL011_BC1 Homo sapiens cDNA clone CS0DG004YD08 5 prime, mRNA sequence.
201489_at	2,8	Peptidylprolyl isomerase F (cyclophilin F)
206074_s_at	2,8	High-mobility group (nonhistone chromosomal) protein isoforms I and Y
219935_at	2,7	A disintegrin-like and metalloprotease (repolyisin type) with thrombospondin type 1 motif, 5 (aggrecanase-2)
209372_x_at	2,7	602239834F1 NIH_MGC_46 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4328385 5', mRNA sequence.
218163_at	2,7	MCT-1 protein
216177_at	2,7	QV0-ST0215-060100-083-c06 ST0215 Homo sapiens cDNA, mRNA sequence.
218046_s_at	2,7	Mitochondrial ribosomal protein S16

ID	cf	Gen
204825_at	2,7	Likely ortholog of maternal embryonic leucine zipper kinase
219902_at	2,7	Betaine-homocysteine methyltransferase 2
202168_at	2,7	TAF9 RNA polymerase II, TATA box binding protein (TBP)-associated factor, 32 kD
212333_at	2,7	DKFZP564F0522 protein
205129_at	2,7	Nucleophosmin/nucleoplasmin 3
208646_at	2,7	Ribosomal protein S14
214437_s_at	2,7	Serine hydroxymethyltransferase 2 (mitochondrial)
209065_at	2,6	Ubiquinol-cytochrome c reductase binding protein
210802_s_at	2,6	Putative dimethyladenosine transferase
218549_s_at	2,6	CGI-90 protein
214096_s_at	2,6	x113g08.x1 NCI_CGAP_Ut4 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2676158 3' similar to SW:GLYM_HUMAN P34897 SERINE HYDROXYMETHYLTRANSFERASE, MITOCHONDRIAL PRECURSOR ;, mRNA sequence.
200750_s_at	2,6	RAN, member RAS oncogene family
204348_s_at	2,6	Adenylate kinase 3
209066_x_at	2,5	Ubiquinol-cytochrome c reductase binding protein
200903_s_at	2,5	S-adenosylhomocysteine hydrolase
48808_at	2,5	qb59h06.x1 NCI_CGAP_Brn23 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1704443 3' similar to gb:J00140 DIHYDROFOLATE REDUCTASE (HUMAN);contains Alu repetitive element;contains element MER33 repetitive element ;, mRNA sequence.
221652_s_at	2,5	Hypothetical protein FLJ10637
201308_s_at	2,5	Hypothetical protein FLJ10849
204033_at	2,5	Thyroid hormone receptor interactor 13
213764_s_at	2,5	hi95d02.x1 Soares_NFL_T_GBC_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2980035 3', mRNA sequence.
209758_s_at	2,5	Microfibril-associated glycoprotein-2
203293_s_at	2,5	Lectin, mannose-binding, 1
214205_x_at	2,5	Thioredoxin-like 2
200705_s_at	2,5	Eukaryotic translation elongation factor 1 beta 2
201030_x_at	2,5	Lactate dehydrogenase B
212417_at	2,5	7k36c05.x1 NCI_CGAP_Ov18 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3477489 3', mRNA sequence.
201821_s_at	2,5	Translocase of inner mitochondrial membrane 17 homolog A (yeast)
203039_s_at	2,5	NADH dehydrogenase (ubiquinone) Fe-S protein 1 (75kD) (NADH-coenzyme Q reductase)
211015_s_at	2,4	Heat shock 70kD protein 4
221514_at	2,4	Serologically defined colon cancer antigen 16
210302_s_at	2,4	Mab-21 (C. elegans)-like 2
213790_at	2,4	zc31b08.s1 Soares_senescent_fibroblasts_NbHSF Homo sapiens cDNA clone IMAGE:323895 3', mRNA sequence.
217829_s_at	2,4	SnRNP assembly defective 1 homolog
209709_s_at	2,4	Hyaluronan-mediated motility receptor (RHAMM)
212773_s_at	2,4	602343902F1 NIH_MGC_89 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4453945 5', mRNA sequence.
202409_at	2,4	insulin-like growth factor II (78 AA); Protein sequence is in conflict with the conceptual translation; 1.8 kb mRNA (AA 1-84); Human DNA for insulin-like growth factor II (IGF-2); exon 7 and additional ORF.
213765_at	2,4	hi95d02.x1 Soares_NFL_T_GBC_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2980035 3', mRNA sequence.
221004_s_at	2,3	Integral membrane protein 3
44065_at	2,3	wp77e05.x1 NCI_CGAP_Brn25 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2467808 3', mRNA sequence.
202232_s_at	2,3	Dendritic cell protein
216387_x_at	2,3	Consensus includes gb:AL353580 /DEF=Human DNA sequence from clone RP11-248N6 on chromosome 13 Contains ESTs, STSs and GSSs. Contains two olfactory receptor pseudogenes, an NPM1 (nucleophosmin, nucleolar phosphoprotein B23, numatrin) pseudogene and a BCR
210976_s_at	2,3	Phosphofructokinase, muscle
212160_at	2,3	wt52c06.x1 NCI_CGAP_Pan1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2511082 3' similar to TR:O43592 O43592 EXPORTIN T. [1] ;, mRNA sequence.
205000_at	2,3	DEAD/H (Asp-Glu-Ala-Asp/His) box polypeptide, Y chromosome
201490_s_at	2,3	Peptidylprolyl isomerase F (cyclophilin F)
211937_at	2,3	Eukaryotic translation initiation factor 4B
217915_s_at	2,3	60S ribosomal protein L30 isolog
202143_s_at	2,3	COP9 homolog
200799_at	2,3	gb:NM_005345.3 /DEF=Homo sapiens heat shock 70kD protein 1A (HSPA1A), mRNA. /FEA=mRNA /GEN=HSPA1A /PROD=heat shock 70kD protein 1A /DB_XREF=gi:5579469 /UG=Hs.8997 heat shock 70kD protein 1A /FL=gb:BC002453.1 gb:NM_005345.3
203931_s_at	2,3	Mitochondrial ribosomal protein L12
219293_s_at	2,3	Hypothetical protein
214359_s_at	2,3	qh17h11.x1 Soares_NFL_T_GBC_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1844997 3' similar to gb:M16660 HEAT SHOCK PROTEIN HSP 90-BETA (HUMAN);, mRNA sequence.
204905_s_at	2,3	Eukaryotic translation elongation factor 1 epsilon 1
209598_at	2,3	Paraneoplastic antigen MA2
204426_at	2,3	Coated vesicle membrane protein
205354_at	2,3	gb:NM_000156.3 /DEF=Homo sapiens guanidinoacetate N-methyltransferase (GAMT), mRNA. /FEA=mRNA /GEN=GAMT /PROD=guanidinoacetate N-methyltransferase /DB_XREF=gi:7549759 /UG=Hs.81131 guanidinoacetate N-methyltransferase /FL=gb:NM_000156.3
202231_at	2,3	Dendritic cell protein
41037_at	2,3	TEFR-1a; related to transcriptional enhancer factor-1; non-AUG initiator; Human transcription factor RTEF1 (RTEF1) mRNA, complete cds.
212009_s_at	2,3	602243255F1 NIH_MGC_46 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4331724 5', mRNA sequence.
201120_s_at	2,3	AL547946 LIT_NFL006_PL2 Homo sapiens cDNA clone CS0DI035YB22 5 prime, mRNA sequence.
214110_s_at	2,3	7n15a07.x1 NCI_CGAP_Brn23 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3564565 3' similar to TR:Q16003 Q16003 LYMPHOCYTE-SPECIFIC PROTEIN 1 ;, mRNA sequence.
218767_at	2,3	XPMC2 protein
219590_x_at	2,3	CGI-30 protein
203967_at	2,3	CDC6 (cell division cycle 6, S. cerevisiae) homolog

ID	cf	Gen
201761_at	2,3	Methylene tetrahydrofolate dehydrogenase (NAD+ dependent), methenyltetrahydrofolate cyclohydrolase
204602_at	2,2	Dickkopf (Xenopus laevis) homolog 1
205393_s_at	2,2	CHK1 (checkpoint, S.pombe) homolog
204679_at	2,2	Potassium channel, subfamily K, member 1 (TWIK-1)
211212_s_at	2,2	Origin recognition complex, subunit 5 (yeast homolog)-like
204409_s_at	2,2	Eukaryotic translation initiation factor 1A, Y chromosome
214007_s_at	2,2	hi86c09.x1 Soares_NFL_T_GBC_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2979184 3' similar to TR:Q12792 Q12792 PROTEIN TYROSINE KINASE. ;, mRNA sequence.
219099_at	2,2	Chromosome 12 open reading frame 5
200064_at	2,2	Heat shock 90kD protein 1, beta
210534_s_at	2,2	B9 protein
201635_s_at	2,2	ws23e06.x1 NCI_CGAP_GC6 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2498050 3' similar to gb:S65791 FRAGILE X MENTAL RETARDATION 1 PROTEIN (HUMAN) ;, mRNA sequence.
204331_s_at	2,2	Mitochondrial ribosomal protein S12
203832_at	2,2	Small nuclear ribonucleoprotein polypeptide F
216941_s_at	2,2	TATA box binding protein (TBP)-associated factor, RNA polymerase I, B, 63kD
AFFX-HUMGAPD H/M33197_5_at	2,2	glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase (EC 1.2.1.12); Human glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase (GAPDH) mRNA, complete cds.
214011_s_at	2,2	601149573F1 NIH_MGC_19 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3502002 5', mRNA sequence.
209104_s_at	2,2	Nucleolar protein family A, member 2 (H/ ACA small nucleolar RNPs)
209233_at	2,1	C2f protein
208864_s_at	2,1	Thioredoxin
218202_x_at	2,1	Mitochondrial ribosomal protein L44
207507_s_at	2,1	ATP synthase, H+ transporting, mitochondrial F0 complex, subunit c (subunit 9) isoform 3
218512_at	2,1	WD repeat domain 12
215416_s_at	2,1	TRANSITIONAL ENDOPLASMIC RETICULUM ATPASE (TER ATPASE) (15S MG(2+)-ATPASE P97 SUBUNIT) (VALOSIN CONTAINING PROTEIN) (VCP); Human homolog of sp Q01853 TERA_MOUSE TRANSITIONAL ENDOPLASMIC RETICULUM ATPASE (TER ATPASE) (15S MG(2+)-ATPASE P97 SUBUNIT) (VALOSI
218497_s_at	2,1	Ribonuclease H1
215160_x_at	2,1	SEE ALSO
214106_s_at	2,1	wi53h03.x1 NCI_CGAP_Co16 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2394005 3' similar to TR:O75357 O75357 GDP-D-MANNOSE-4,6-DEHYDRATASE. [1] ;, mRNA sequence.
201241_at	2,1	DEAD/H (Asp-Glu-Ala-Asp/His) box polypeptide 1
221781_s_at	2,1	DKFZp434J1813 protein
209788_s_at	2,1	Type 1 tumor necrosis factor receptor shedding aminopeptidase regulator
208815_x_at	2,1	Heat shock 70kD protein 4
218535_s_at	2,1	Hypothetical protein FLJ11159
217972_at	2,1	Hypothetical protein FLJ20420
215227_x_at	2,1	602326204F1 NIH_MGC_90 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4414128 5', mRNA sequence.
201568_at	2,1	Low molecular mass ubiquinone-binding protein (9.5kD)
219122_s_at	2,1	Hypothetical protein FLJ20546
214095_at	2,1	x113g08.x1 NCI_CGAP_Ut4 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2676158 3' similar to SW:GLYM_HUMAN P34897 SERINE HYDROXYMETHYLTRANSFERASE, MITOCHONDRIAL PRECURSOR ;, mRNA sequence.
201593_s_at	2,1	AV716798 DCB Homo sapiens cDNA clone DCBAKB02 5', mRNA sequence.
218897_at	2,1	Hypothetical protein MGC10993
200786_at	2,1	Proteasome (prosome, macropain) subunit, beta type, 7
204749_at	2,1	Nucleosome assembly protein 1-like 3
202874_s_at	2,0	ATPase, H+ transporting, lysosomal (vacuolar proton pump) 42kD
204875_s_at	2,0	GDP-mannose 4,6-dehydratase
200877_at	2,0	Chaperonin containing TCP1, subunit 4 (delta)
220892_s_at	2,0	Phosphoserine aminotransferase
201600_at	2,0	B-cell associated protein
217932_at	2,0	Mitochondrial ribosomal protein S7
201614_s_at	2,0	RuvB (E coli homolog)-like 1
202857_at	2,0	Transmembrane protein 4
205176_s_at	2,0	Integrin beta 3 binding protein (beta3-endonexin)
208975_s_at	2,0	Karyopherin (importin) beta 1
218594_at	2,0	Hypothetical protein FLJ10359
202825_at	2,0	Solute carrier family 25 (mitochondrial carrier; adenine nucleotide translocator), member 4
218493_at	2,0	Hypothetical protein FLJ22940
204675_at	2,0	Steroid-5-alpha-reductase, alpha polypeptide 1 (3-oxo-5 alpha-steroid delta 4-dehydrogenase alpha 1)
213150_at	2,0	Homeo box A10
210892_s_at	2,0	General transcription factor II, i
201330_at	2,0	Arginyl-tRNA synthetase
205321_at	2,0	Eukaryotic translation initiation factor 2, subunit 3 (gamma, 52kD)
213564_x_at	2,0	ho19b09.x1 NCI_CGAP_Co14 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3037817 3' similar to gb:Y00711 L-LACTATE DEHYDROGENASE H CHAIN (HUMAN);, mRNA sequence.
219539_at	2,0	Hypothetical protein FLJ23459
214170_x_at	2,0	ag36c01.s1 Jia bone marrow stroma Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1118880 3' similar to gb:M15502 FUMARATE HYDRATASE, MITOCHONDRIAL (HUMAN);, mRNA sequence.
209080_x_at	2,0	Thioredoxin-like 2
218622_at	2,0	Hypothetical protein MGC5585
AFFX-HUMGAPD H/M33197_5_at	2,0	glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase (EC 1.2.1.12); Human glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase (GAPDH) mRNA, complete cds.

ID	cf	Gen
M_at		
211016_x_at	2,0	Heat shock 70kD protein 4
221156_x_at	2,0	Cell cycle progression 8 protein
AFFX-HUMGAPD H/M33197_3_at	2,0	glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase (EC 1.2.1.12); Human glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase (GAPDH) mRNA, complete cds.
219158_s_at	2,0	Hypothetical protein FLJ13340
218036_x_at	2,0	CGI-07 protein
202697_at	2,0	Cleavage and polyadenylation specific factor 5, 25 kD subunit
200657_at	2,0	Solute carrier family 25 (mitochondrial carrier; adenine nucleotide translocator), member 5
217466_x_at	2,0	HUMBT Chromosome 16p13.3 Exon Homo sapiens genomic clone h-80, DNA sequence.
219295_s_at	2,0	Procollagen C-endopeptidase enhancer 2
211971_s_at	2,0	Leucine-rich PPR-motif containing
200992_at	2,0	RAN binding protein 7
203049_s_at	2,0	KIAA0372 gene product
204009_s_at	2,0	zd90d06.s1 Soares_fetal_heart_NbHH19W Homo sapiens cDNA clone IMAGE:356747 3', mRNA sequence.
201256_at	2,0	Cytochrome c oxidase subunit VIIa polypeptide 2 like
203372_s_at	2,0	STAT induced STAT inhibitor-2
221823_at	2,0	AL565741 LTI_FL013_FBrn1 Homo sapiens cDNA clone CS0DF007YN17 3 prime, mRNA sequence.
200776_s_at	2,0	AL518328 LTI_NFL011_NBC1 Homo sapiens cDNA clone CS0DA009YK18 3 prime, mRNA sequence.
202069_s_at	2,0	wk28a12.x1 NCI_CGAP_Brn25 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2413630 3', mRNA sequence.
202279_at	2,0	Chromosome 14 open reading frame 2
200715_x_at	2,0	Ribosomal protein L13a
209932_s_at	2,0	DUTP pyrophosphatase
214193_s_at	2,0	wi79g10.x1 NCI_CGAP_Kid12 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2399586 3', mRNA sequence.
203095_at	2,0	Mitochondrial translational initiation factor 2
222360_at	2,0	qm80c06.x1 Soares_placenta_8to9weeks_2NbHP8to9W Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1895050 3', mRNA sequence.
208758_at	2,0	5-aminoimidazole-4-carboxamide ribonucleotide formyltransferase/IMP cyclohydrolase
207721_x_at	1,9	Histidine triad nucleotide-binding protein
208025_s_at	1,9	
200596_s_at	1,9	601280348F1 NIH_MGC_39 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3622499 5', mRNA sequence.
200074_s_at	1,9	Ribosomal protein L14
202276_at	1,9	Deleted in split-hand/split-foot 1 region
208727_s_at	1,9	Cell division cycle 42 (GTP-binding protein, 25kD)
200722_s_at	1,9	602378049F1 NIH_MGC_92 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4508820 5', mRNA sequence.
211297_s_at	1,9	Cyclin-dependent kinase 7 (homolog of Xenopus MO15 cdk-activating kinase)
209057_x_at	1,9	CDC5 (cell division cycle 5, S. pombe, homolog)-like
200692_s_at	1,9	Heat shock 70kD protein 9B (mortalin-2)
200913_at	1,9	Protein phosphatase 1G (formerly 2C), magnesium-dependent, gamma isoform
210261_at	1,9	Potassium channel, subfamily K, member 2 (TREK-1)
201848_s_at	1,9	BCL2/adenovirus E1B 19kD-interacting protein 3
202918_s_at	1,9	Likely ortholog of preimplantation protein 3
213129_s_at	1,9	601497869F1 NIH_MGC_70 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3899992 5', mRNA sequence.
217881_s_at	1,9	Cell division cycle 27
201298_s_at	1,9	Chromosome 2 open reading frame 6
209796_s_at	1,9	Transmembrane protein 4
205748_s_at	1,9	Hypothetical protein FLJ20552
217496_s_at	1,9	om38b01.s1 Soares_NFL_T_GBC_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1543273 3' similar to gb:M21188 INSULIN-DEGRADING ENZYME (HUMAN);, mRNA sequence.
204517_at	1,9	601656143R1 NIH_MGC_66 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3855754 3', mRNA sequence.
218654_s_at	1,9	Mitochondrial ribosomal protein S33
204992_s_at	1,9	Profilin 2
201145_at	1,9	HS1 binding protein
221782_at	1,9	DKFZp434J1813 protein
202591_s_at	1,9	Single-stranded DNA-binding protein 1
204186_s_at	1,9	ou40h11.x1 Soares_NFL_T_GBC_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1628805 3' similar to SW:CYP4_HUMAN Q08752 40 KD PEPTIDYL-PROLYL CIS-TRANS ISOMERASE ;, mRNA sequence.
219044_at	1,9	Hypothetical protein FLJ10916
209036_s_at	1,9	Malate dehydrogenase 2, NAD (mitochondrial)
203465_at	1,9	Mitochondrial ribosomal protein L19
218235_s_at	1,9	CGI-94 protein
208698_s_at	1,9	Non-POU-domain-containing, octamer-binding
211662_s_at	1,9	gb:L08666.1 /DEF=Homo sapiens porin (por) mRNA, complete cds and truncated cds. /FEA=mRNA /GEN=por; por /PROD=porin; porin /DB_XREF=gi:190199 /FL=gb:L08666.1
208721_s_at	1,9	602287103F1 NIH_MGC_96 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4374504 5', mRNA sequence.
213689_x_at	1,9	DKFZp761C1715_r1 761 (synonym: hamy2) Homo sapiens cDNA clone DKFZp761C1715 5', mRNA sequence.
201397_at	1,9	Phosphoglycerate dehydrogenase
201606_s_at	1,9	601587284F1 NIH_MGC_7 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3941445 5', mRNA sequence.
210567_s_at	1,9	S-phase kinase-associated protein 2 (p45)
218694_at	1,9	ALEX1 protein
203189_s_at	1,9	NADH dehydrogenase (ubiquinone) Fe-S protein 8 (23kD) (NADH-coenzyme Q reductase)
205078_at	1,9	Phosphatidylinositol glycan, class F
204744_s_at	1,9	Isoleucine-tRNA synthetase
211938_at	1,9	601858130F1 NIH_MGC_58 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4068630 5', mRNA sequence.
209213_at	1,9	Carbonyl reductase 1

ID	cf	Gen
200093_s_at	1,9	yw88d08.s1 Soares_placenta_8to9weeks_2NbHP8to9W Homo sapiens cDNA clone IMAGE:259311 3' similar to SW:IPK1_BOVIN P16436 PROTEIN KINASE C INHIBITOR 1 ;, mRNA sequence.
213581_at	1,9	7p33e08.x1 NCL_CGAP_Pr28 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3647703 3', mRNA sequence.
217052_x_at	1,9	EXPRESSION INFORMATION
209707_at	1,9	Phosphatidylinositol glycan, class K
200937_s_at	1,9	Ribosomal protein L5
210114_at	1,9	Inversin
208826_x_at	1,9	Histidine triad nucleotide-binding protein
208934_s_at	1,9	Lectin, galactoside-binding, soluble, 8 (galectin 8)
208800_at	1,9	Signal recognition particle 72kD
206307_s_at	1,9	Forkhead box D1
200651_at	1,9	Guanine nucleotide binding protein (G protein), beta polypeptide 2-like 1
216044_x_at	1,9	Ribosomal protein L5
200790_at	1,9	Ornithine decarboxylase 1
204920_at	1,9	Carbamoyl-phosphate synthetase 1, mitochondrial
204298_s_at	1,9	Lysyl oxidase
201541_s_at	1,9	Putative cyclin G1 interacting protein
217791_s_at	1,9	Pyrroline-5-carboxylate synthetase (glutamate gamma-semialdehyde synthetase)
209143_s_at	1,8	Chloride channel, nucleotide-sensitive, 1A
204235_s_at	1,8	CED-6 protein
207974_s_at	1,8	S-phase kinase-associated protein 1A (p19A)
202715_at	1,8	Carbamoyl-phosphate synthetase 2, aspartate transcarbamylase, and dihydroorotase
202942_at	1,8	Electron-transfer-flavoprotein, beta polypeptide
212145_at	1,8	Mitochondrial ribosomal protein S27
206943_at	1,8	Transforming growth factor, beta receptor I (activin A receptor type II-like kinase, 53kD)
219845_at	1,8	BarH-like homeobox 1
208910_s_at	1,8	Complement component 1, q subcomponent binding protein
221475_s_at	1,8	Ribosomal protein L15
218561_s_at	1,8	CGI-203 protein
200870_at	1,8	Unr-interacting protein
213453_x_at	1,8	602184994T1 NIH_MGC_43 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4299431 3', mRNA sequence.
211939_x_at	1,8	Basic transcription factor 3
203594_at	1,8	RNA 3'-terminal phosphate cyclase
201745_at	1,8	Protein tyrosine kinase 9
213011_s_at	1,8	7n79g04.x1 NCL_CGAP_Ov18 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3570991 3' similar to SW:TPIS_HUMAN P00938 TRIOSEPHOSPHATE ISOMERASE ;, mRNA sequence.
203048_s_at	1,8	601339016F1 NIH_MGC_53 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3681626 5', mRNA sequence.
200089_s_at	1,8	wx70g02.x1 NCL_CGAP_Brn53 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2549042 3' similar to gb:L20868 60S RIBOSOMAL PROTEIN L4 (HUMAN);, mRNA sequence.
209406_at	1,8	BCL2-associated athanogene 2
202691_at	1,8	Small nuclear ribonucleoprotein D1 polypeptide (16kD)
213812_s_at	1,8	Calcium/calmodulin-dependent protein kinase kinase 2, beta
206499_s_at	1,8	Chromosome condensation 1
34764_at	1,8	Human mRNA for KIAA0028 gene, partial cds.
203025_at	1,8	N-acetyltransferase, homolog of S. cerevisiae ARD1
202246_s_at	1,8	Cyclin-dependent kinase 4
204565_at	1,8	Uncharacterized hypothalamus protein HT012
201619_at	1,8	Peroxisomal protein 3
201797_s_at	1,8	Valyl-tRNA synthetase 2
203150_at	1,8	Rab9 effector p40
203613_s_at	1,8	NADH dehydrogenase (ubiquinone) 1 beta subcomplex, 6 (17kD, B17)
201380_at	1,8	Cartilage associated protein
201305_x_at	1,8	AV712577 DCA Homo sapiens cDNA clone DCAAUH03 5', mRNA sequence.
200063_s_at	1,8	Nucleophosmin (nucleolar phosphoprotein B23, numatrin)
218135_at	1,8	CDA14
217942_at	1,8	Mitochondrial ribosomal protein S35
205503_at	1,8	Protein tyrosine phosphatase, non-receptor type 14
200886_s_at	1,8	Phosphoglycerate mutase 1 (brain)
208639_x_at	1,8	Protein disulfide isomerase-related protein
204405_x_at	1,8	Putative dimethyladenosine transferase
217880_at	1,8	qf77g07.x1 Soares_fetal_lung_NbHL19W Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1756092 3' similar to gb:U00001 PROTEIN CDC27HS (HUMAN);, mRNA sequence.
218057_x_at	1,8	Neighbor of COX4
213152_s_at	1,8	tb94a05.x1 NCL_CGAP_Co16 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2061968 3' similar to gb:X75755_rna2 SPLICING FACTOR SC35 (HUMAN);, mRNA sequence.
208955_at	1,8	DUTP pyrophosphatase
202467_s_at	1,8	Thyroid receptor interacting protein 15
209861_s_at	1,8	Methionyl aminopeptidase 2
202306_at	1,8	Polymerase (RNA) II (DNA directed) polypeptide G
219479_at	1,8	Endoplasmic reticulum resident protein 58; hypothetical protein MGC5302
203454_s_at	1,8	ATX1 (antioxidant protein 1, yeast) homolog 1
215997_s_at	1,8	AV694732 GKC Homo sapiens cDNA clone GKCGZH06 5', mRNA sequence.
203781_at	1,8	Mitochondrial ribosomal protein L33
203033_x_at	1,8	Fumarate hydratase
202934_at	1,8	wi61h11.x1 NCL_CGAP_Co16 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2394789 3', mRNA sequence.
218403_at	1,8	Hypothetical protein

ID	cf	Gen
202554_s_at	1,8	AL527430 LTI_NFL003_NBC3 Homo sapiens cDNA clone CS0DC021YF13 5 prime, mRNA sequence.
204053_x_at	1,8	Phosphatase and tensin homolog (mutated in multiple advanced cancers 1)
209520_s_at	1,8	Nuclear cap binding protein subunit 1, 80kD
204700_x_at	1,8	Novel putative protein similar to YIL091C yeast hypothetical 84 kD protein from SGA1-KTR7
202651_at	1,8	KIAA0205 gene product
59705_at	1,8	oi15f09.s1 NCI_CGAP_GC4 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1476617 3' similar to WP:F13H8.9 CE02643 NITROGEN FIXATION,, mRNA sequence.
220255_at	1,8	Fanconi anemia, complementation group E
217398_x_at	1,8	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase
200734_s_at	1,8	602463246F1 NIH_MGC_48 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4576258 5', mRNA sequence.
201692_at	1,8	Sigma receptor (SR31747 binding protein 1)
201161_s_at	1,8	Cold shock domain protein A
203667_at	1,8	Tubulin-specific chaperone a
210519_s_at	1,8	NAD(P)H dehydrogenase, quinone 1
213260_at	1,8	AU145890 HEMBA1 Homo sapiens cDNA clone HEMBA1006158 3', mRNA sequence.
219843_at	1,8	Intracisternal A particle-promoted polypeptide
204185_x_at	1,8	Peptidylprolyl isomerase D (cyclophilin D)
201672_s_at	1,8	Ubiquitin specific protease 14 (tRNA-guanine transglycosylase)
203105_s_at	1,8	Dynamin 1-like
213026_at	1,8	601659892R1 NIH_MGC_71 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3905710 3', mRNA sequence.
206106_at	1,8	Hypothetical protein PP2447
201922_at	1,8	Hypothetical protein
219253_at	1,8	Hypothetical protein FLJ20979
218982_s_at	1,8	Mitochondrial ribosomal protein S17
205077_s_at	1,8	Phosphatidylinositol glycan, class F
202330_s_at	1,8	Uracil-DNA glycosylase
200039_s_at	1,8	Proteasome (prosome, macropain) subunit, beta type, 2
208687_x_at	1,7	Heat shock 70kD protein 8
212085_at	1,7	on10g02.s1 NCI_CGAP_Lu5 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1556306 3' similar to gb:J03592 ADP,ATP CARRIER PROTEIN, LIVER ISOFORM T2 (HUMAN);, mRNA sequence.
213943_at	1,7	Twist (Drosophila) homolog (acrocephalosyndactyly 3; Saethre-Chotzen syndrome)
209524_at	1,7	CGI-142
209219_at	1,7	RD RNA-binding protein
202852_s_at	1,7	Hypothetical protein FLJ11506
221381_s_at	1,7	Mortality factor 4
201307_at	1,7	AL534972 LTI_FL013_FBrn1 Homo sapiens cDNA clone CS0DF007YI02 5 prime, mRNA sequence.
209226_s_at	1,7	Karyopherin (importin) beta 2
201457_x_at	1,7	BUB3 (budding uninhibited by benzimidazoles 3, yeast) homolog
202961_s_at	1,7	ATP synthase, H+ transporting, mitochondrial F0 complex, subunit f, isoform 2
209225_x_at	1,7	wb45b07.x1 NCI_CGAP_GC6 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2308597 3' similar to SW:IMB2_HUMAN Q92973 IMPORTIN BETA-2 SUBUNIT,, mRNA sequence.
201314_at	1,7	Serine/threonine kinase 25 (Ste20, yeast homolog)
212826_s_at	1,7	wt15b11.x1 NCI_CGAP_Ut1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2507517 3' similar to gb:J03592 ADP,ATP CARRIER PROTEIN, LIVER ISOFORM T2 (HUMAN);, mRNA sequence.
200691_s_at	1,7	Heat shock 70kD protein 9B (mortalin-2)
208754_s_at	1,7	Nucleosome assembly protein 1-like 1
208517_x_at	1,7	Basic transcription factor 3
201138_s_at	1,7	602580582F1 NIH_MGC_61 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4718180 5', mRNA sequence.
208456_s_at	1,7	Related RAS viral (r-ras) oncogene homolog 2
201512_s_at	1,7	Translocase of outer mitochondrial membrane 70 (yeast) homolog A
201892_s_at	1,7	IMP (inosine monophosphate) dehydrogenase 2
210338_s_at	1,7	Heat shock 70kD protein 8
214167_s_at	1,7	nj40g05.s1 NCI_CGAP_AA1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:995000 3' similar to gb:M17885 60S ACIDIC RIBOSOMAL PROTEIN P0 (HUMAN);, mRNA sequence.
214484_s_at	1,7	Sigma receptor (SR31747 binding protein 1)
210257_x_at	1,7	Cullin 4B
216591_s_at	1,7	integral membrane protein subunit of complex II; no evidence for translation; putative pseudogene; Homo sapiens integral membrane protein subunit of complex II (CII-3) pseudogene, complete sequence.
215780_s_at	1,7	Human DNA sequence from PAC 30P20 on chromosome Xq21.1-Xq21.3. Contains set pseudogene, ESTs and STS.
201637_s_at	1,7	Fragile X mental retardation, autosomal homolog 1
208669_s_at	1,7	CREBBP/EP300 inhibitory protein 1
218106_s_at	1,7	Mitochondrial ribosomal protein S10
200036_s_at	1,7	Ribosomal protein L10a
39817_s_at	1,7	c-Myc target; Homo sapiens RCL (Rcl) mRNA, complete cds.
201608_s_at	1,7	Nuclear phosphoprotein similar to S. cerevisiae PWP1
208840_s_at	1,7	AU149503 NT2RM4 Homo sapiens cDNA clone NT2RM4002447 3', mRNA sequence.
205512_s_at	1,7	Programmed cell death 8 (apoptosis-inducing factor)
221447_s_at	1,7	Gycosyltransferase
205443_at	1,7	Small nuclear RNA activating complex, polypeptide 1, 43kD
218465_at	1,7	Hypothetical protein FLJ10525
219926_at	1,7	Popeye protein 3
201268_at	1,7	Non-metastatic cells 2, protein (NM23B) expressed in
206668_s_at	1,7	Secretory carrier membrane protein 1
210367_s_at	1,7	Prostaglandin E synthase
208692_at	1,7	Ribosomal protein S3
202990_at	1,7	Phosphorylase, glycogen; liver (Hers disease, glycogen storage disease type VI)

ID	cf	Gen
209132_s_at	1,7	601148965F1 NIH_MGC_19 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3501593 5', mRNA sequence.
204410_at	1,7	Eukaryotic translation initiation factor 1A, Y chromosome
200840_at	1,7	Lysyl-tRNA synthetase
204557_s_at	1,7	KIAA0996 protein
219329_s_at	1,7	Apoptosis related protein APR-3
202786_at	1,7	Ste-20 related kinase
212581_x_at	1,7	601346543F1 NIH_MGC_8 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3679498 5', mRNA sequence.
208113_x_at	1,7	Poly(A)-binding protein, cytoplasmic 3
218998_at	1,7	Hypothetical protein FLJ20457
216384_x_at	1,7	Homo sapiens prothymosin alpha (PTMA) gene, complete cds.
200843_s_at	1,7	Glutamyl-prolyl-tRNA synthetase
202799_at	1,7	ClpP (caseinolytic protease, ATP-dependent, proteolytic subunit, E. coli) homolog
221539_at	1,7	Eukaryotic translation initiation factor 4E binding protein 1
207622_s_at	1,7	ATP-binding cassette, sub-family F (GCN20), member 2
221950_at	1,7	tm44c06.x1 NCI_CGAP_Kid11 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2160970 3', mRNA sequence.
202740_at	1,7	Aminoacylase 1
211787_s_at	1,7	Eukaryotic translation initiation factor 4A, isoform 1
221437_s_at	1,7	Mitochondrial ribosomal protein S15
208907_s_at	1,7	Mitochondrial ribosomal protein S18B
200809_x_at	1,7	Ribosomal protein L12
209694_at	1,7	6-pyruvoyltetrahydropterin synthase
217787_s_at	1,7	A1525086 LTI_NFL003_NBC3 Homo sapiens cDNA clone CS0DC005YC04 3 prime, mRNA sequence.
211711_s_at	1,7	Phosphatase and tensin homolog (mutated in multiple advanced cancers 1)
209363_s_at	1,7	SRB7 (suppressor of RNA polymerase B, yeast) homolog
217492_s_at	1,7	Phosphatase and tensin homolog (mutated in multiple advanced cancers 1), pseudogene 1
217740_x_at	1,7	Ribosomal protein L7a
212967_x_at	1,7	xf04e10.x1 NCI_CGAP_Brn35 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2617098 3' similar to SW:NPL1_HUMAN P55209 NUCLEOSOME ASSEMBLY PROTEIN 1-LIKE 1 ;contains element MER38 repetitive element ;, mRNA sequence.
200023_s_at	1,7	Eukaryotic translation initiation factor 3, subunit 5 (epsilon, 47kD)
209249_s_at	1,7	Growth hormone inducible transmembrane protein
218119_at	1,7	Translocase of inner mitochondrial membrane 23 homolog (yeast)
200842_s_at	1,7	tl96a09.x1 NCI_CGAP_Co14 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2154904 3' similar to gb:X54326 MULTIFUNCTIONAL AMINOACYL-TRNA SYNTHETASE (HUMAN);, mRNA sequence.
201405_s_at	1,7	COP9 subunit 6 (MOV34 homolog, 34 kD)
216640_s_at	1,7	Protein disulfide isomerase-related protein
218597_s_at	1,7	Uncharacterized hematopoietic stem/progenitor cells protein MDS029
204423_at	1,7	Muskelin 1, intracellular mediator containing kelch motifs
202382_s_at	1,7	Glucosamine-6-phosphate isomerase
205628_at	1,7	Primase, polypeptide 2A (58kD)
208645_s_at	1,7	Ribosomal protein S14
209393_s_at	1,7	Eukaryotic translation initiation factor 4E-like 3
36475_at	1,7	Cluster Incl. Z97630:Human DNA sequence from clone 466N1 on chromosome 22q12-13 Contains H1F0(H1 histone family, member 0) gene, 2-amino-3-ketobutyrate -CoA ligase(nuclear gene encoding mitochondrial protein), GALR3 (galanin receptor) gene, ESTs, GSSs an
218391_at	1,7	EAP30 subunit of ELL complex
218934_s_at	1,7	Heat shock 27kD protein family, member 7 (cardiovascular)
215207_x_at	1,7	601852205F1 NIH_MGC_56 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4076232 5', mRNA sequence.
201400_at	1,7	Proteasome (prosome, macropain) subunit, beta type, 3
201160_s_at	1,7	A1556190 LTI_NFL006_PL2 Homo sapiens cDNA clone CS0DK011YH09 5 prime, mRNA sequence.
213791_at	1,7	Proenkephalin
204059_s_at	1,7	Malic enzyme 1, NADP(+)-dependent, cytosolic
212038_s_at	1,7	A1515918 LTI_NFL011_NBC1 Homo sapiens cDNA clone CS0DA001YJ18 3 prime, mRNA sequence.
213220_at	1,7	AV706096 ADB Homo sapiens cDNA clone ADBAWH11 5', mRNA sequence.
200723_s_at	1,7	Membrane component, chromosome 11, surface marker 1
214336_s_at	1,7	ts76f11.x1 NCI_CGAP_GC6 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2237229 3' similar to SW:COPA_BOVIN Q27954 COATOMER ALPHA SUBUNIT ;, mRNA sequence.
209585_s_at	1,7	Multiple inositol polyphosphate histidine phosphatase, 1
211954_s_at	1,7	Karyopherin (importin) beta 3
211615_s_at	1,7	gb:M92439.1 /DEF=Human leucine-rich protein mRNA, complete cds. /FEA=mRNA /PROD=leucine-rich protein; leucine-rich protein /DB_XREF=gi:177109 /FL=gb:M92439.1
203235_at	1,7	Thimet oligopeptidase 1
208680_at	1,7	Peroxisomal protein 1
213757_at	1,7	602067933F1 NIH_MGC_58 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4066833 5', mRNA sequence.
214285_at	1,7	ov82a04.x1 Soares_testis_NHT Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1643790 3' similar to gb:X56549 FATTY ACID-BINDING PROTEIN, HEART (HUMAN);, mRNA sequence.
200735_x_at	1,6	Nascent-polypeptide-associated complex alpha polypeptide
208627_s_at	1,6	601660422R1 NIH_MGC_71 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3906197 3', mRNA sequence.
203180_at	1,6	Aldehyde dehydrogenase 1 family, member A3
200081_s_at	1,6	601595220F1 NIH_MGC_9 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3949109 5', mRNA sequence.
214271_x_at	1,6	zs93h10.s1 NCI_CGAP_GCB1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:705091 3' similar to gb:L06505 60S RIBOSOMAL PROTEIN L12 (HUMAN);, mRNA sequence.
217874_at	1,6	Succinate-CoA ligase, GDP-forming, alpha subunit
212216_at	1,6	Putative L-type neutral amino acid transporter
212428_at	1,6	KIAA0368 protein
201154_x_at	1,6	Ribosomal protein L4
217980_s_at	1,6	Mitochondrial ribosomal protein L16

ID	cf	Gen
210790_s_at	1,6	SAR1 protein
200962_at	1,6	qp61b10.x1 NCI_CGAP_Co8 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1927483 3' similar to gb:X69181 60S RIBOSOMAL PROTEIN L31 (HUMAN);, mRNA sequence.
203666_at	1,6	Stromal cell-derived factor 1
217511_at	1,6	52c6 Human retina cDNA randomly primed sublibrary Homo sapiens cDNA , mRNA sequence.
202141_s_at	1,6	COP9 homolog
221423_s_at	1,6	Hypothetical protein AF140225
213892_s_at	1,6	om72g04.s1 NCI_CGAP_GC4 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1552758 3' similar to gb:Y00486_rna1 ADENINE PHOSPHORIBOSYLTRANSFERASE (HUMAN);contains MSR1.t2 TAR1 TAR1 repetitive element ;, mRNA sequence.
200777_s_at	1,6	Basic leucine-zipper protein BZAP45
213699_s_at	1,6	aj52d02.s1 Soares_testis_NHT Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1393923 3' similar to gb:X56468_rna1 14-3-3 PROTEIN THETA (HUMAN);, mRNA sequence.
214257_s_at	1,6	aj89h08.s1 Soares_parathyroid_tumor_NbHPA Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1403679 3', mRNA sequence.
213356_x_at	1,6	AL568186 LTI_FL013_FBrn1 Homo sapiens cDNA clone CS0DF035YA23 3 prime, mRNA sequence.
218424_s_at	1,6	Hypothetical protein FLJ10829
200650_s_at	1,6	Lactate dehydrogenase A
221503_s_at	1,6	Karyopherin alpha 3 (importin alpha 4)
200595_s_at	1,6	Eukaryotic translation initiation factor 3, subunit 10 (theta, 150/170kD)
211710_x_at	1,6	Ribosomal protein L4
208635_x_at	1,6	602245139F1 NIH_MGC_48 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4336329 5', mRNA sequence.
210568_s_at	1,6	RecQ protein-like (DNA helicase Q1-like)
214845_s_at	1,6	Calumenin
201653_at	1,6	Cornichon-like
215823_x_at	1,6	Human poly(A)-binding protein processed pseudogene3.
204035_at	1,6	Secretogranin II (chromogranin C)
214077_x_at	1,6	ym30b02.s1 Soares infant brain 1N1B Homo sapiens cDNA clone IMAGE:49680 3' similar to gb:M96956 EPIDERMAL GROWTH FACTOR-LIKE CRIPTO PROTEIN (HUMAN);, mRNA sequence.
211658_at	1,6	gb:L19185.1 /DEF=Human natural killer cell enhancing factor (NKEFB) mRNA, complete cds. /FEA=mRNA /GEN=NKEFB /PROD=enhancer protein /DB_XREF=gi:440307 /FL=gb:L19185.1
213573_at	1,6	ak34e01.s1 Soares_testis_NHT Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1407864 3', mRNA sequence.
204247_s_at	1,6	Cyclin-dependent kinase 5
219291_at	1,6	X 009 protein
201227_s_at	1,6	NADH dehydrogenase (ubiquinone) 1 beta subcomplex, 8 (19kD, ASH1)
204699_s_at	1,6	yw76h01.s1 Soares_placenta_8to9weeks_2NbHP8to9W Homo sapiens cDNA clone IMAGE:258193 3', mRNA sequence.
218305_at	1,6	Hypothetical protein FLJ23338
201063_at	1,6	Reticulocalbin 1, EF-hand calcium binding domain
205047_s_at	1,6	Asparagine synthetase
202213_s_at	1,6	wa95a10.x1 NCI_CGAP_GC6 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2303898 3' similar to SW:CU4B_HUMAN Q13620 CULLIN HOMOLOG 4B ;, mRNA sequence.
213588_x_at	1,6	oe90c01.s1 NCI_CGAP_Co12 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1418880 similar to SW:RL14_HUMAN P50914 60S RIBOSOMAL PROTEIN L14 ;contains element MER22 repetitive element ;, mRNA sequence.
213166_x_at	1,6	602432837F1 NIH_MGC_18 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4550505 5', mRNA sequence.
208837_at	1,6	Integral type I protein
212833_at	1,6	SEE ALSO
201388_at	1,6	Proteasome (prosome, macropain) 26S subunit, non-ATPase, 3
212129_at	1,6	Hypothetical protein MGC5466
220755_s_at	1,6	G8 protein
218213_s_at	1,6	Chromosome 11 open reading frame 10
206700_s_at	1,6	SMC (mouse) homolog, Y chromosome
201622_at	1,6	EBNA-2 co-activator (100kD)
217861_s_at	1,6	Prolactin regulatory element binding
212918_at	1,6	601882083F1 NIH_MGC_57 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4094588 5', mRNA sequence.
201233_at	1,6	Proteasome (prosome, macropain) 26S subunit, non-ATPase, 13
212590_at	1,6	602320181F1 NIH_MGC_89 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4415157 5', mRNA sequence.
221229_s_at	1,6	gb:Nm_017910.2 /DEF=Homo sapiens hypothetical protein FLJ20628 (FLJ20628), mRNA. /FEA=mRNA /GEN=FLJ20628 /PROD=hypothetical protein FLJ20628 /DB_XREF=gi:13435382 /FL=gb:Nm_017910.2
210759_s_at	1,6	Proteasome (prosome, macropain) subunit, alpha type, 1
215230_x_at	1,6	ah15e04.s1 Gessler Wilms tumor Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1156734 3', mRNA sequence.
219366_at	1,6	Cell death regulator aven
217140_s_at	1,6	Homo sapiens VDAC1 pseudogene.
208756_at	1,6	Eukaryotic translation initiation factor 3, subunit 2 (beta, 36kD)
200824_at	1,6	Glutathione S-transferase pi
201521_s_at	1,6	Nuclear cap binding protein subunit 2, 20kD
215482_s_at	1,6	DKFZP586J0119 protein
218061_at	1,6	Male-enhanced antigen
217294_s_at	1,6	Enolase 1, (alpha)
200967_at	1,6	Peptidylprolyl isomerase B (cyclophilin B)
221786_at	1,6	SEE ALSO
201021_s_at	1,6	602130050F1 NIH_MGC_56 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4286556 5', mRNA sequence.
215936_s_at	1,6	KIAA1033 protein
207469_s_at	1,6	Pirin
200088_x_at	1,6	Ribosomal protein L12
202461_at	1,6	Eukaryotic translation initiation factor 2B, subunit 2 (beta, 39kD)
209171_at	1,6	Inosine triphosphatase (nucleoside triphosphate pyrophosphatase)
218426_s_at	1,6	TRIAD3 protein
215747_s_at	1,6	Chromosome condensation 1

ID	cf	Gen
210470_x_at	1,6	Non-POU-domain-containing, octamer-binding
212917_x_at	1,6	601882083F1 NIH_MGC_57 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4094588 5', mRNA sequence.
213864_s_at	1,6	wr76h07.x1 NCI_CGAP_Ut1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2493661 3' similar to SW:NPL1_HUMAN P55209 NUCLEOSOME ASSEMBLY PROTEIN 1-LIKE 1 ; mRNA sequence.
208974_x_at	1,6	Karyopherin (importin) beta 1
213801_x_at	1,6	xv82g01.x1 NCI_CGAP_Brn53 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2825040 3' similar to gb:S37431 LAMININ RECEPTOR (HUMAN); mRNA sequence.
211666_x_at	1,6	gb:L22453.1 /DEF=Homo sapiens HIV-1 TAR RNA binding protein (TARBP-b) mRNA, complete cds. /FEA=mRNA /GEN=TARBP-b /DB_XREF=gi:347963 /FL=gb:L22453.1
213562_s_at	1,6	np60h03.s1 NCI_CGAP_Br2 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1130741 3', mRNA sequence.
210183_x_at	1,6	Pinin, desmosome associated protein
217772_s_at	1,6	Mitochondrial carrier homolog 2
206174_s_at	1,6	Protein phosphatase 6, catalytic subunit
214356_s_at	1,6	ql47c07.x1 NCI_CGAP_Co8 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1875468 3', mRNA sequence.
208930_s_at	1,6	602301349F1 NIH_MGC_87 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4402836 5', mRNA sequence.
208752_x_at	1,6	wn34c03.x1 NCI_CGAP_Gas4 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2447332 3' similar to SW:NPL1_HUMAN P55209 NUCLEOSOME ASSEMBLY PROTEIN 1-LIKE 1 ;contains element PTR5 PTR7 repetitive element ; mRNA sequence.
218112_at	1,6	Mitochondrial ribosomal protein S34
207268_x_at	1,6	Abl-interactor 12 (SH3-containing protein)
212635_at	1,6	au68b11.x1 Schneider fetal brain 00004 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2781405 3', mRNA sequence.
200689_x_at	1,6	Eukaryotic translation elongation factor 1 gamma
203516_at	1,6	Syntrophin, alpha 1(dystrophin-associated protein A1, 59kD, acidic component)
202735_at	1,6	Emopamil-binding protein (sterol isomerase)
201266_at	1,6	Thioredoxin reductase 1
209850_s_at	1,6	Cdc42 effector protein 2
202975_s_at	1,6	yx52h03.s1 Soares melanocyte 2NbHM Homo sapiens cDNA clone IMAGE:265397 3', mRNA sequence.
210027_s_at	1,6	APEX nuclease (multifunctional DNA repair enzyme)
208761_s_at	1,6	Ubiquitin-like 1 (sentrin)
211927_x_at	1,6	601656973R1 NIH_MGC_67 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3865650 3', mRNA sequence.
212191_x_at	1,6	UI-HF-BL0-abw-d-10-0-UI.s1 NIH_MGC_37 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3057859 3', mRNA sequence.
203068_at	1,6	KIAA0469 gene product
202142_at	1,6	COP9 homolog
202710_at	1,6	Bet1 (S. cerevisiae) homolog
218477_at	1,6	PTD011 protein
208308_s_at	1,6	Glucose phosphate isomerase
206621_s_at	1,6	Williams-Beuren syndrome chromosome region 1
201037_at	1,6	Phosphofructokinase, platelet
210250_x_at	1,6	Adenylosuccinate lyase
208853_s_at	1,6	Calnexin
218469_at	1,6	Cysteine knot superfamily 1, BMP antagonist 1
203282_at	1,6	Glucan (1,4-alpha-), branching enzyme 1 (glycogen branching enzyme, Andersen disease, glycogen storage disease type IV)
212537_x_at	1,6	601571007F1 NIH_MGC_21 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3925800 5', mRNA sequence.
217846_at	1,6	GlutaminyI-tRNA synthetase
221901_at	1,6	UI-H-BW1-anx-a-12-0-UI.s1 NCI_CGAP_Sub7 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3083806 3', mRNA sequence.
200756_x_at	1,6	Calumenin
200876_s_at	1,6	Proteasome (prosome, macropain) subunit, beta type, 1
200693_at	1,6	Tyrosine 3-monooxygenase/tryptophan 5-monooxygenase activation protein, theta polypeptide
221931_s_at	1,6	AV701173 ADA Homo sapiens cDNA clone ADAAGH04 5', mRNA sequence.
213149_at	1,6	xs53f02.x1 NCI_CGAP_Kid11 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2773371 3', mRNA sequence.
203218_at	1,6	zc11f11.s1 Soares_parathyroid_tumor_NbHPA Homo sapiens cDNA clone IMAGE:322029 3', mRNA sequence.
211345_x_at	1,6	Eukaryotic translation elongation factor 1 gamma
209026_x_at	1,6	FK506-binding protein 1A (12kD)
203430_at	1,6	Chromosome 6 open reading frame 34
203492_x_at	1,6	qa49e12.x1 Soares_NhHMPu_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1690126 3' similar to TR:Q14704 Q14704 MRNA ; mRNA sequence.
214259_s_at	1,6	xa62g10.x1 NCI_CGAP_HSC2 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2571426 3', mRNA sequence.
201682_at	1,6	Peptidase (mitochondrial processing) beta
210104_at	1,6	RNA polymerase II transcriptional regulation mediator (Med6, S. cerevisiae, homolog of)
200030_s_at	1,6	Solute carrier family 25 (mitochondrial carrier; phosphate carrier), member 3
210959_s_at	1,6	Steroid-5-alpha-reductase, alpha polypeptide 1 (3-oxo-5 alpha-steroid delta 4-dehydrogenase alpha 1)
210854_x_at	1,6	Solute carrier family 6 (neurotransmitter transporter, creatine), member 8
218427_at	1,6	Serologically defined colon cancer antigen 3
206907_at	1,6	Tumor necrosis factor (ligand) superfamily, member 9
219522_at	1,6	Four jointed box 1 (Drosophila)
201274_at	1,6	Proteasome (prosome, macropain) subunit, alpha type, 5
214351_x_at	1,6	aj28b10.s1 Soares_testis_NHT Homo sapiens cDNA clone 1391611 3' similar to gb:X64707 BREAST BASIC CONSERVED PROTEIN 1 (HUMAN); mRNA sequence.
204518_s_at	1,6	Peptidylprolyl isomerase C (cyclophilin C)
201127_s_at	1,6	wr27d10.x1 NCI_CGAP_Pr28 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2488915 3' similar to TR:Q13037 Q13037 ATP:CITRATE LYASE. ; mRNA sequence.
218270_at	1,6	Mitochondrial ribosomal protein L24
208962_s_at	1,6	601066683F1 NIH_MGC_10 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3452925 5', mRNA sequence.
208827_at	1,5	Proteasome (prosome, macropain) subunit, beta type, 6
206833_s_at	1,5	AcyIphosphatase 2, muscle type
212246_at	1,5	601493261F1 NIH_MGC_69 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3895407 5', mRNA sequence.

ID	cf	Gen
216652_s_at	1,5	SEE ALSO
212954_at	1,5	Dual-specificity tyrosine-(Y)-phosphorylation regulated kinase 4
201226_at	1,5	NADH dehydrogenase (ubiquinone) 1 beta subcomplex, 8 (19kD, ASH1)
217962_at	1,5	Nucleolar protein family A, member 3 (H/ACA small nucleolar RNPs)
200823_x_at	1,5	Ribosomal protein L29
203711_s_at	1,5	3-hydroxyisobutyryl-Coenzyme A hydrolase
201198_s_at	1,5	w113h07.x1 NCI_CGAP_Ut1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2424829 3' similar to TR:O88761 O88761 26S PROTEASOME SUBUNIT P112. ;, mRNA sequence.
208714_at	1,5	NADH dehydrogenase (ubiquinone) flavoprotein 1 (51kD)
200086_s_at	1,5	aj70d12.s1 Soares_parathyroid_tumor_NbHPA Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1401815 3' similar to gb:X54802 CYTOCHROME C OXIDASE POLYPEPTIDE IV PRECURSOR (HUMAN);, mRNA sequence.
203538_at	1,5	Calcium modulating ligand
217848_s_at	1,5	Pyrophosphatase (inorganic)
219025_at	1,5	Tumor endothelial marker 1 precursor
208726_s_at	1,5	Eukaryotic translation initiation factor 2, subunit 2 (beta, 38kD)
209594_x_at	1,5	RuvB (E coli homolog)-like 1
217758_s_at	1,5	SM-11044 binding protein
200999_s_at	1,5	Cytoskeleton-associated protein 4
210735_s_at	1,5	Carbonic anhydrase XII
218436_at	1,5	Endoplasmic reticulum chaperone SIL1, homolog of yeast
205132_at	1,5	Actin, alpha, cardiac muscle
217898_at	1,5	Chromosome 11 hypothetical protein ORF3
209971_x_at	1,5	wp59a06.x1 NCI_CGAP_Brn25 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2466034 3' similar to SW:JTV1_HUMAN Q13155 JTV-1 PROTEIN. ;, mRNA sequence.
209029_at	1,5	COP9 (constitutive photomorphogenic, Arabidopsis, homolog) subunit 7A
208929_x_at	1,5	Ribosomal protein L13
214042_s_at	1,5	ws57f09.x1 NCI_CGAP_Brn25 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2501321 3' similar to gb:X59357 60S RIBOSOMAL PROTEIN L22 (HUMAN);, mRNA sequence.
222011_s_at	1,5	7q83e05.x1 NCI_CGAP_Lu24 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3704936 3' similar to TR:Q16146 Q16146 CYTOSOLIC ACETOACETYL-COENZYME A THIOLASE. ;, mRNA sequence.
218118_s_at	1,5	Translocase of inner mitochondrial membrane 23 homolog (yeast)
212137_at	1,5	AV746402 NPA Homo sapiens cDNA clone NPAAMH12 5', mRNA sequence.
200718_s_at	1,5	Transcription elongation factor B (SIII), polypeptide 1-like
203466_at	1,5	MpV17 transgene, murine homolog, glomerulosclerosis
207738_s_at	1,5	NCK-associated protein 1
201587_s_at	1,5	Interleukin-1 receptor-associated kinase 1
201420_s_at	1,5	602244783F1 NIH_MGC_48 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4335765 5', mRNA sequence.
211953_s_at	1,5	Karyopherin (importin) beta 3
213671_s_at	1,5	af53a09.s1 Soares_total_fetus_Nb2HF8_9w Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1035352 3' similar to gb:S62138 GROWTH ARREST AND DNA-DAMAGE-INDUCIBLE PROTEIN GADD153 (HUMAN);, mRNA sequence.
205522_at	1,5	Homeo box D4
204173_at	1,5	Myosin light chain 1 slow a
219439_at	1,5	Core1 UDP-galactose:N-acetylgalactosamine-alpha-R beta 1,3-galactosyltransferase
222231_s_at	1,5	Hypothetical protein PRO1855
212006_at	1,5	UBX domain-containing 2
213504_at	1,5	zd30b06.s1 Soares_fetal_heart_NbHH19W Homo sapiens cDNA clone IMAGE:342131 3', mRNA sequence.
201516_at	1,5	Spermidine synthase
213429_at	1,5	wu75b04.x1 NCI_CGAP_Kid3 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2525839 3', mRNA sequence.
208290_s_at	1,5	Eukaryotic translation initiation factor 5
220775_s_at	1,5	Hypothetical protein FLJ11068
210418_s_at	1,5	Isocitrate dehydrogenase 3 (NAD+) beta
209177_at	1,5	DKFZP564J0123 protein
219631_at	1,5	Hypothetical protein FLJ12929
217776_at	1,5	CGI-82 protein
200029_at	1,5	Ribosomal protein L19
218887_at	1,5	Mitochondrial ribosomal protein L2
208670_s_at	1,5	CREBBP/EP300 inhibitory protein 1
209817_at	1,5	Protein phosphatase 3 (formerly 2B), catalytic subunit, beta isoform (calcineurin A beta)
52837_at	1,5	DKFZp586N1517_s1 586 (synonym: hute1) Homo sapiens cDNA clone DKFZp586N1517 3', mRNA sequence.
209884_s_at	1,5	Solute carrier family 4, sodium bicarbonate cotransporter, member 7
201390_s_at	1,5	Casein kinase 2, beta polypeptide
216693_x_at	1,5	CGI-142
200826_at	1,5	gb:NM_004597.3 /DEF=Homo sapiens small nuclear ribonucleoprotein D2 polypeptide (16.5kD) (SNRPD2), mRNA. /FEA=mRNA /GEN=SNRPD2 /PROD=small nuclear ribonucleoprotein D2 polypeptide(16.5kD) /DB_XREF=gi:7242206 /UG=Hs.53125 small nuclear ribonucleoprotein D
207668_x_at	1,5	Protein disulfide isomerase-related protein
202263_at	1,5	Cytochrome b5 reductase 1 (B5R.1)
205446_s_at	1,5	Activating transcription factor 2
212270_x_at	1,5	602340822F1 NIH_MGC_89 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4448789 5', mRNA sequence.
213048_s_at	1,5	33g5 Human retina cDNA randomly primed sublibrary Homo sapiens cDNA , mRNA sequence.
218092_s_at	1,5	HIV-1 Rev binding protein
212301_at	1,5	KIAA0252 protein
200987_x_at	1,5	ah80c08.s1 Soares_testis_NHT Homo sapiens cDNA clone 1321934 3' similar to gb:X07868_rna1 PUTATIVE INSULIN-LIKE GROWTH FACTOR II ASSOCIATED (HUMAN);, mRNA sequence.
212245_at	1,5	601493261F1 NIH_MGC_69 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3895407 5', mRNA sequence.
201837_s_at	1,5	SPTF-associated factor 65 gamma
213969_x_at	1,5	602139603F1 NIH_MGC_46 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4300777 5', mRNA sequence.

ID	cf	Gen
203493_s_at	1,5	qa49e12.x1 Soares_NhHMPu_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1690126 3' similar to TR:Q14704 Q14704 MRNA ;, mRNA sequence.
214164_x_at	1,5	RC3-BN0428-201100-011-c11 BN0428 Homo sapiens cDNA, mRNA sequence.
218959_at	1,5	Homeo box C10

ID: Affymetrix-Identität. cf: change fold.

Tabelle 57: A, B: Expressionsdaten aller Ephrin-Datensätze auf dem Affymetrix Chip HG U133A.

ID	Gen	HOB-c 1	HOB-c 2	OS1 1	OS1 2	OS9 1	OS9 2	OS15 1	OS15 2	OS18 1	OS18 2
202023_at	EFNA1	93	215	6256	6183	1177	1334	3369	4603	4335	5761
208256_at	EFNA2	311	130	321	143	713	241	120	488	196	337
210132_at	EFNA3	62	81	132	324	68	107	324	1368	665	124
205107_s_at	EFNA4	493	136	1074	848	569	536	976	1110	588	841
207301_at	EFNA5	97	257	775	748	282	575	753	353	113	252
202711_at	EFNB1	202	452	591	307	118	717	691	446	1157	782
202668_at	EFNB2	3210	4354	1716	1748	2000	1614	4806	3495	11334	9152
202669_s_at	EFNB2	678	870	132	563	918	102	1308	908	1606	2339
205031_at	EFNB3	173	294	129	122	234	132	303	290	189	328
205977_s_at	EphA1	875	633	597	792	812	983	1151	217	561	771
215804_at	EphA1	147	67	67	99	153	138	89	60	49	112
203499_at	EphA2	2441	2829	1203	1334	4186	3942	4630	4118	12702	12402
206071_at	EphA3	628	50	4146	4397	3773	3917	1334	2494	12360	10119
206070_s_at	EphA3	628	50	4146	4397	3773	3917	1334	2494	12360	10119
211164_s_at	EphA3	117	71	237	367	369	232	169	201	406	498
206114_at	EphA4	656	217	407	519	260	220	102	178	86	139
215664_s_at	EphA5	549	1010	1809	764	418	30	708	439	1069	334
206852_at	EphA7	87	248	622	855	61	43	282	83	110	222
211898_s_at	EphB1	43	50	185	92	53	82	83	48	57	63
210753_s_at	EphB1	174	275	493	1484	486	381	725	155	505	122
211898_s_at	EphB1	43	50	185	92	53	82	83	48	57	63
209588_at	EphB2	1008	118	1982	957	1282	1027	1548	651	2010	1859
209589_s_at	EphB2	198	605	2253	2306	462	523	906	439	2871	2484
204600_at	EphB3	703	741	1249	1016	509	1340	2058	1485	1592	1985
202894_at	EphB4	2061	1547	3538	3655	2042	2714	3875	3132	2606	3099
216680_s_at	EphB4	180	862	549	792	891	503	996	771	442	160
204718_at	EphB6	763	1352	943	2184	1311	896	874	1832	768	841

A: HOBc sowie alle konventionellen Osteosarkome (OS). ID: Affymetrix-Identität.

Affi-No.	Gen	OS4 1	OS4 2	OS6 1	OS6 2	OS11 1	OS11 2	OS16 1	OS16 2
202023_at	EFNA1	7520	8197	2677	2908	6587	5544	3945	4702
208256_at	EFNA2	207	633	213	141	392	67	162	126
210132_at	EFNA3	171	845	541	165	251	206	1057	155
205107_s_at	EFNA4	895	190	827	1079	379	69	1722	1369
207301_at	EFNA5	589	515	560	450	348	87	121	716
202711_at	EFNB1	767	287	352	686	674	933	530	566
202668_at	EFNB2	10056	7701	3803	3549	13131	10902	4341	4355
202669_s_at	EFNB2	1474	2047	1060	1143	2197	1930	1005	2285
205031_at	EFNB3	289	244	86	204	324	253	300	234
205977_s_at	EphA1	718	1340	1007	545	2046	1636	1356	870
215804_at	EphA1	106	86	155	67	151	120	72	62
203499_at	EphA2	6468	6898	7630	7942	3558	3114	6629	6147
206071_at	EphA3	3979	4940	5790	5834	541	374	3253	4085
206070_s_at	EphA3	3979	4940	5790	5834	541	374	3253	4085
211164_s_at	EphA3	322	479	252	307	272	90	234	388
206114_at	EphA4	1111	949	460	848	111	56	166	599
215664_s_at	EphA5	632	261	304	1013	76	256	350	493
206852_at	EphA7	49	33	293	377	186	42	32	236
211898_s_at	EphB1	88	59	157	55	41	132	150	35
210753_s_at	EphB1	1043	142	298	548	353	398	1214	346
211898_s_at	EphB1	88	59	157	55	41	132	150	35
209588_at	EphB2	2409	1888	1628	597	1040	1214	1547	1474
209589_s_at	EphB2	3466	3097	1332	1288	802	980	2240	2224
204600_at	EphB3	2905	2427	2693	2435	1133	1206	550	846
202894_at	EphB4	2889	3062	3801	3496	3717	3709	2747	2825
216680_s_at	EphB4	649	1554	947	1475	783	1092	890	1230
204718_at	EphB6	1018	1058	515	1293	512	1073	589	1044

B: Lungenmetastasen der Osteosarkome (OS). ID: Affymetrix-Identität.

Tabelle 58: Abregulierte Gene im Rezidiv vs. Riesenzellprimärtumor (n=1.467).

ID	cf	Gen
213831_at	7,8	Major histocompatibility complex, class II, DQ alpha 1
211144_x_at	5,2	T cell receptor gamma locus
209480_at	4,4	Major histocompatibility complex, class II, DQ beta 1
209813_x_at	4,0	T cell receptor gamma locus
204846_at	3,8	Ceruloplasmin (ferroxidase)
201116_s_at	3,7	wo14h05.x1 NCI_CGAP_Pan1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2455353 3' similar to gb:X51405_cds1 CARBOXYPEPTIDASE H PRECURSOR (HUMAN);, mRNA sequence.
202203_s_at	3,7	Autocrine motility factor receptor
221671_x_at	3,6	Immunoglobulin kappa constant
216920_s_at	3,4	T cell receptor gamma locus
212999_x_at	3,3	tq64e04.x1 NCI_CGAP_Lu19 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2213598 3' similar to gb:X03068 HLA CLASS II HISTOCOMPATIBILITY ANTIGEN, DQ(W1.1) BETA CHAIN (HUMAN);, mRNA sequence.
218857_s_at	3,3	Hypothetical protein FLJ22316
213479_at	3,2	Neuronal pentraxin II
221261_x_at	3,1	MAGE-E1 protein
204661_at	3,1	CDW52 antigen (CAMPATH-1 antigen)
205792_at	3,0	WNT1 inducible signaling pathway protein 2
221796_at	2,9	zj32g01.s1 Soares_fetal_liver_spleen_1NFLS_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:452016 3', mRNA sequence.
206407_s_at	2,9	Small inducible cytokine subfamily A (Cys-Cys), member 13
218309_at	2,8	Hypothetical protein PRO1489
205226_at	2,7	Platelet-derived growth factor receptor-like
219486_at	2,7	Hypothetical protein FLJ20399
213110_s_at	2,7	wx26h09.x1 NCI_CGAP_Kid11 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2544833 3', mRNA sequence.
219855_at	2,6	Hypothetical protein FLJ10628
202936_s_at	2,6	SRY (sex determining region Y)-box 9 (campomelic dysplasia, autosomal sex-reversal)
218169_at	2,6	Hypothetical protein FLJ10305
203435_s_at	2,6	Membrane metallo-endorpeptidase (neutral endopeptidase, enkephalinase, CALLA, CD10)
201117_s_at	2,6	Carboxypeptidase E
216909_at	2,6	KIAA0690 protein
219747_at	2,6	Hypothetical protein FLJ23191
219747_at	2,6	Hypothetical protein FLJ23191
218199_s_at	2,6	Hypothetical protein FLJ21959
217143_s_at	2,6	T cell receptor delta locus
217143_s_at	2,6	T cell receptor delta locus
200953_s_at	2,5	Cyclin D2
203523_at	2,5	Lymphocyte-specific protein 1
221759_at	2,5	AL583123 LTI_NFL010_BC2 Homo sapiens cDNA clone CS0DL009YN09 3 prime, mRNA sequence.
215806_x_at	2,5	T cell receptor gamma constant 2
206560_s_at	2,5	Melanoma inhibitory activity
219607_s_at	2,5	Membrane-spanning 4-domains, subfamily A, member 4A
214754_at	2,5	KIAA0401 protein
221843_s_at	2,5	zr35c05.s1 Soares_NhHMPu_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:665384 3', mRNA sequence.
211654_x_at	2,5	gb:M17565.1 /DEF=Human MHC class II DQ-beta associated with DRw6, DQw1 protein, complete cds. /FEA=mRNA /GEN=HLA-DQB1 /DB_XREF=gi:188188 /FL=gb:M17565.1
203381_s_at	2,5	yy31f09.s1 Soares melanocyte 2NbHM Homo sapiens cDNA clone IMAGE:272873 3' similar to gb:M12529 APOLIPOPROTEIN E PRECURSOR (HUMAN);, mRNA sequence.
218730_s_at	2,5	Osteoglycin (osteoinductive factor, mimecan)
213283_s_at	2,4	602380622F1 NIH_MGC_93 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4498325 5', mRNA sequence.
204379_s_at	2,4	Fibroblast growth factor receptor 3 (achondroplasia, thanatophoric dwarfism)
211544_s_at	2,4	gb:AB058895.1 /DEF=Homo sapiens GHRHRpsv mRNA for growth hormone releasing hormone receptor pituitary splice variant, complete cds. /FEA=mRNA /GEN=GHRHRpsv /PROD=growth hormone releasing hormone receptor/pituitary splice variant /DB_XREF=gi:13488768 /UG=H
205856_at	2,4	Solute carrier family 14 (urea transporter), member 1 (Kidd blood group)
202075_s_at	2,4	Phospholipid transfer protein
214084_x_at	2,3	xa07d05.x1 Soares_NFL_T_GBC_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2567625 3' similar to gb:M55067 NEUTROPHIL CYTOSOL FACTOR 1 (HUMAN);, mRNA sequence.
201367_s_at	2,3	qz26f08.x1 NCI_CGAP_CLL1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2028039 3' similar to SW:TISD_HUMAN P47974 TIS11D PROTEIN ;contains element TAR1 TAR1 repetitive element ;, mRNA sequence.
221795_at	2,3	zj32g01.s1 Soares_fetal_liver_spleen_1NFLS_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:452016 3', mRNA sequence.
205206_at	2,3	Kallmann syndrome 1 sequence
218105_s_at	2,3	Mitochondrial ribosomal protein L4
201785_at	2,3	Ribonuclease, RNase A family, 1 (pancreatic)
202848_s_at	2,3	602450255F1 NIH_MGC_14 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4588980 5', mRNA sequence.
205639_at	2,3	Acyloxyacyl hydrolase (neutrophil)
208871_at	2,3	Dentatorubral-pallidoluysian atrophy (atrophin-1)
203305_at	2,3	Coagulation factor XIII, A1 polypeptide
206070_s_at	2,3	EphA3
215067_x_at	2,2	AU147942 MAMMA1 Homo sapiens cDNA clone MAMMA1002198 3', mRNA sequence.
207722_s_at	2,2	BTB (POZ) domain containing 2
213640_s_at	2,2	7a18b11.x1 NCI_CGAP_GC6 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3219069 3' similar to gb:S78694 PROTEIN-LYSINE 6-OXIDASE PRECURSOR (HUMAN);, mRNA sequence.
205392_s_at	2,2	Small inducible cytokine subfamily A (Cys-Cys), member 14
210790_s_at	2,2	SAR1 protein
210790_s_at	2,2	SAR1 protein

ID	cf	Gen
208255_s_at	2,2	FK506-binding protein 8 (38kD)
221317_x_at	2,2	Protocadherin beta 6
203354_s_at	2,2	xd88h01.x1 Soares_NFL_T_GBC_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2604721 3', mRNA sequence.
1438_at	2,2	H.sapiens HEK2 mRNA for protein tyrosine kinase receptor.
217193_x_at	2,1	Immunoglobulin lambda locus
202935_s_at	2,1	te30c10.x1 Soares_NFL_T_GBC_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2087442 3' similar to SW:SOX9_HUMAN P48436 SOX-9 PROTEIN. ;contains Alu repetitive element;; mRNA sequence.
204042_at	2,1	WAS protein family, member 3
215059_at	2,1	ze75h04.s1 Soares_fetal_heart_NbHH19W Homo sapiens cDNA clone IMAGE:364855 3', mRNA sequence.
209541_at	2,1	Insulin-like growth factor 1 (somatomedin C)
218537_at	2,1	Hypothetical protein FLJ20568
207136_at	2,1	Arrestin 3, retinal (X-arrestin)
202145_at	2,1	Lymphocyte antigen 6 complex, locus E
205897_at	2,1	Nuclear factor of activated T-cells, cytoplasmic, calcineurin-dependent 4
202938_x_at	2,1	CGI-96 protein
201743_at	2,1	CD14 antigen
210784_x_at	2,1	Leukocyte immunoglobulin-like receptor, subfamily B (with TM and ITIM domains), member 3
210784_x_at	2,1	Leukocyte immunoglobulin-like receptor, subfamily B (with TM and ITIM domains), member 3
217161_x_at	2,1	Aggrecan 1 (chondroitin sulfate proteoglycan 1, large aggregating proteoglycan, antigen identified by monoclonal antibody A0122)
221147_x_at	2,1	WW domain-containing oxidoreductase
218612_s_at	2,1	Tumor suppressing subtransferable candidate 4
204487_s_at	2,1	Potassium voltage-gated channel, KQT-like subfamily, member 1
202953_at	2,1	Complement component 1, q subcomponent, beta polypeptide
202023_at	2,1	Ephrin-A1
217039_x_at	2,1	SEE ALSO
213298_at	2,1	Nuclear factor I/C (CCAAT-binding transcription factor)
219087_at	2,1	Asporin (LRR class 1)
214484_s_at	2,1	Sigma receptor (SR31747 binding protein 1)
218272_at	2,1	Hypothetical protein FLJ20699
202500_at	2,05	DnaJ (Hsp40) homolog, subfamily B, member 2
217793_at	2,04	AL575337 LTI_NFL006_PL2 Homo sapiens cDNA clone CS0DI061YI16 3 prime, mRNA sequence.
201983_s_at	2,04	au91e07.x1 Schneider fetal brain 00004 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2783652 3' similar to SW:EGFR_HUMAN P00533 EPIDERMAL GROWTH FACTOR RECEPTOR PRECURSOR ;; mRNA sequence.
221831_at	2,04	SEE ALSO
221831_at	2,04	SEE ALSO
207459_x_at	2,03	Glycophorin B (includes Ss blood group)
200783_s_at	2,03	Stathmin 1/oncoprotein 18
201998_at	2,02	wg53h11.x1 Soares_NSF_F8_9W_OT_PA_P_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2368869 3', mRNA sequence.
214579_at	2,02	Hypothetical protein dJ462O23.2
214680_at	2,02	602136853F1 NIH_MGC_83 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4273260 5', mRNA sequence.
214608_s_at	2,02	Eyes absent (Drosophila) homolog 1
221274_s_at	2,02	Hypothetical protein DKFZp564L2423
213765_at	2,01	hi95d02.x1 Soares_NFL_T_GBC_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2980035 3', mRNA sequence.
205611_at	2,01	Tumor necrosis factor (ligand) superfamily, member 12
207433_at	2,01	Interleukin 10
204268_at	2,01	S100 calcium-binding protein A2
211587_x_at	2,00	Cholinergic receptor, nicotinic, alpha polypeptide 3
211052_s_at	2,00	Tubulin-specific chaperone d
213792_s_at	1,99	ab38g07.s1 Stratagene HeLa cell s3 937216 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:843132 3' similar to gb:A18658 INSULIN RECEPTOR PRECURSOR (HUMAN);; mRNA sequence.
214677_x_at	1,99	Immunoglobulin lambda joining 3
201904_s_at	1,98	601558023F1 NIH_MGC_58 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3827909 5', mRNA sequence.
219091_s_at	1,98	Hypothetical protein FLJ13465
201044_x_at	1,97	ni97d11.s1 NCI_CGAP_Pr21 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:984789 3' similar to gb:X68277_cds1 MAP KINASE PHOSPHATASE-1 (HUMAN);; mRNA sequence.
218232_at	1,97	Complement component 1, q subcomponent, alpha polypeptide
220323_at	1,96	Hypothetical protein FLJ13265
205582_s_at	1,96	Gamma-glutamyltransferase-like activity 1
221123_x_at	1,96	Papillomavirus regulatory factor PRF-1
206396_at	1,96	Solute carrier family 1 (neuronal/epithelial high affinity glutamate transporter, system Xag), member 1
206326_at	1,96	Gastrin-releasing peptide
220449_at	1,95	Hypothetical protein MGC5566
210861_s_at	1,95	WNT1 inducible signaling pathway protein 3
218892_at	1,9	Protocadherin 16
209924_at	1,9	Small inducible cytokine subfamily A (Cys-Cys), member 18, pulmonary and activation-regulated
217192_s_at	1,9	PR domain containing 1, with ZNF domain
218720_x_at	1,9	Type I transmembrane receptor (seizure-related protein)
209923_s_at	1,9	BRCA1 associated protein
211584_s_at	1,9	Nuclear protein, ataxia-telangiectasia locus
207504_at	1,9	Carbonic anhydrase VII
204320_at	1,9	Collagen, type XI, alpha 1
212480_at	1,9	KIAA0376 protein
201842_s_at	1,9	wk56d07.x1 NCI_CGAP_Pr22 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2419405 3' similar to TR:Q12805 Q12805 EXTRACELLULAR PROTEIN S1-5 PRECURSOR. ;; mRNA sequence.
210708_x_at	1,9	Caspase 10, apoptosis-related cysteine protease

ID	cf	Gen
216008_s_at	1,9	AV694434 GKC Homo sapiens cDNA clone GKCBIC10 5', mRNA sequence.
203923_s_at	1,9	Cytochrome b-245, beta polypeptide (chronic granulomatous disease)
212148_at	1,9	602269506F1 NIH_MGC_84 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4357777 5', mRNA sequence.
218629_at	1,9	Smoothed (Drosophila) homolog
204498_s_at	1,9	Adenylate cyclase 9
204298_s_at	1,9	Lysyl oxidase
209542_x_at	1,9	Insulin-like growth factor 1 (somatomedin C)
220407_s_at	1,9	Transforming growth factor, beta 2
202320_at	1,9	General transcription factor IIIC, polypeptide 1 (alpha subunit, 220kD)
221651_x_at	1,9	Immunoglobulin kappa constant
219519_s_at	1,9	Sialoadhesin
210880_s_at	1,9	Signal transduction protein (SH3 containing)
211748_x_at	1,9	Prostaglandin D2 synthase (21kD, brain)
213724_s_at	1,9	wl75e10.x1 NCI_CGAP_Brn25 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2430762 3' similar to SW:PDK2_HUMAN Q15119 [PYRUVATE DEHYDROGENASE(LIPOAMIDE)] KINASE ISOZYME 2 PRECURSOR ;, mRNA sequence.
207692_s_at	1,9	Aggrecan 1 (chondroitin sulfate proteoglycan 1, large aggregating proteoglycan, antigen identified by monoclonal antibody A0122)
207692_s_at	1,9	Aggrecan 1 (chondroitin sulfate proteoglycan 1, large aggregating proteoglycan, antigen identified by monoclonal antibody A0122)
218480_at	1,9	Hypothetical protein FLJ21839
203510_at	1,9	602322942F1 NIH_MGC_89 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4425947 5', mRNA sequence.
209664_x_at	1,9	wv74e05.x1 Soares_thymus_NHFT Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2535296 3' similar to TR:Q12865 Q12865 NF-ATC TRANSCRIPTION FACTOR. ;contains MER22.t3 MER22 repetitive element ;, mRNA sequence.
214372_x_at	1,9	z191b12.x5 Stratagene colon (#937204) Homo sapiens cDNA clone IMAGE:511967 3' similar to TR:O75460 O75460 PROTEIN KINASE/ENDORIBONULCEASE. ;contains Alu repetitive element;contains element MSR1 repetitive element ;, mRNA sequence.
221004_s_at	1,8	Integral membrane protein 3
32128_at	1,8	macrophage specific; Homo sapiens mRNA for alternative activated macrophage specific CC chemokine 1.
211796_s_at	1,8	T cell receptor beta locus
205382_s_at	1,8	D component of complement (adipsin)
207105_s_at	1,8	Phosphoinositide-3-kinase, regulatory subunit, polypeptide 2 (p85 beta)
207105_s_at	1,8	Phosphoinositide-3-kinase, regulatory subunit, polypeptide 2 (p85 beta)
206805_at	1,8	Sema domain, immunoglobulin domain (Ig), short basic domain, secreted, (semaphorin) 3A
203638_s_at	1,8	Fibroblast growth factor receptor 2 (bacteria-expressed kinase, keratinocyte growth factor receptor, craniofacial dysostosis 1, Crouzon syndrome, Pfeiffer syndrome, Jackson-Weiss syndrome)
212529_at	1,8	602287590F1 NIH_MGC_96 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4374862 5', mRNA sequence.
202253_s_at	1,8	Dynamin 2
201401_s_at	1,8	Adrenergic, beta, receptor kinase 1
219377_at	1,8	Hypothetical protein FLJ21610
202463_s_at	1,8	gb:NM_003926.4 /DEF=Homo sapiens methyl-CpG binding domain protein 3 (MBD3), mRNA. /FEA=mRNA /GEN=MBD3 /PROD=methyl-CpG binding domain protein 3 /DB_XREF=gi:7710147 /UG=Hs.178728 methyl-CpG binding domain protein 3 /FL=gb:BC000872.1 gb:NM_003926.4
203751_x_at	1,8	Jun D proto-oncogene
209454_s_at	1,8	TEA domain family member 3
209488_s_at	1,8	RNA-binding protein gene with multiple splicing
204438_at	1,8	Mannose receptor, C type 1
214265_at	1,8	qe71d07.x1 Soares_fetal_lung_NbHL19W Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1744429 3' similar to SW:ITA8_HUMAN P53708 INTEGRIN ALPHA-8. ;, mRNA sequence.
214470_at	1,8	Killer cell lectin-like receptor subfamily B, member 1
216352_x_at	1,8	Protocadherin gamma subfamily A, 3
219593_at	1,8	Peptide transporter 3
222228_s_at	1,8	Hypothetical protein FLJ20013
202756_s_at	1,8	Glypican 1
202875_s_at	1,8	601289842F1 NIH_MGC_8 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3620290 5', mRNA sequence.
212844_at	1,8	KIAA0179 protein
219686_at	1,8	Gene for serine/threonine protein kinase
221318_at	1,8	Neurogenic differentiation 4
218359_at	1,8	Hypothetical protein FLJ23329
207414_s_at	1,8	Paired basic amino acid cleaving system 4
207414_s_at	1,8	Paired basic amino acid cleaving system 4
205679_x_at	1,8	Aggrecan 1 (chondroitin sulfate proteoglycan 1, large aggregating proteoglycan, antigen identified by monoclonal antibody A0122)
212775_at	1,8	wr57d03.x1 NCI_CGAP_Ut1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2491781 3' similar to TR:O75147 O75147 KIAA0657 PROTEIN ;, mRNA sequence.
202350_s_at	1,8	Matrilin 2
214128_at	1,8	Chromosome 11 open reading frame 11
221115_s_at	1,8	Lens epithelial protein
206991_s_at	1,8	Chemokine (C-C motif) receptor 5
203382_s_at	1,8	Apolipoprotein E
221001_at	1,8	Small evolutionarily conserved RNA, resembling C/D box small nucleolar
213125_at	1,8	wf02e12.x1 NCI_CGAP_Co3 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2506318 3' similar to SW:NOMR_HUMAN Q99784 NEURONAL OLFACTOMEDIN-RELATED ER LOCALIZED PROTEIN ;contains element MER6 MER6 repetitive element ;, mRNA sequence.
211577_s_at	1,8	Insulin-like growth factor 1 (somatomedin C)
213924_at	1,8	naa27a03.x1 NCI_CGAP_Pr28 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3255844 3', mRNA sequence.
206157_at	1,8	Pentaxin-related gene, rapidly induced by IL-1 beta
211899_s_at	1,8	TNF receptor-associated factor 4

ID	cf	Gen
218494_s_at	1,8	GLUT4 enhancer factor
203473_at	1,8	Solute carrier family 21 (organic anion transporter), member 9
205341_at	1,8	EH-domain containing 2
202452_at	1,8	ZYG homolog
214770_at	1,8	qn33g02.x1 NCI_CGAP_Kid5 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1900082 3', mRNA sequence.
205554_s_at	1,8	Deoxyribonuclease I-like 3
214407_x_at	1,8	qh52b08.x1 Soares_fetal_liver_spleen_1NFLS_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1848279 3' similar to gb:J02982 GLYCOPHORIN B PRECURSOR (HUMAN);, mRNA sequence.
213639_s_at	1,8	KIAA0557 protein
221953_s_at	1,8	zc26d02.s1 Soares_senescent_fibroblasts_NbHSF Homo sapiens cDNA clone IMAGE:323427 3', mRNA sequence.
212998_x_at	1,8	tq64e04.x1 NCI_CGAP_Lu19 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2213598 3' similar to gb:X03068 HLA CLASS II HISTOCOMPATIBILITY ANTIGEN, DQ(W1.1) BETA CHAIN (HUMAN);, mRNA sequence.
221949_at	1,8	w08d06.x1 NCI_CGAP_Co3 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2506859 3', mRNA sequence.
212078_s_at	1,8	Myeloid/lymphoid or mixed-lineage leukemia (trithorax (Drosophila) homolog)
212187_x_at	1,8	Prostaglandin D2 synthase (21kD, brain)
213527_s_at	1,8	qt17h03.x1 NCI_CGAP_GC4 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1947893 3' similar to SW:ZF90_MOUSE Q61967 ZINC FINGER PROTEIN ZFP-90 ;contains L1.t1 MER22 repetitive element ;, mRNA sequence.
204381_at	1,8	Low density lipoprotein receptor-related protein 3
221779_at	1,8	KIAA1668 protein
205730_s_at	1,8	KIAA0843 protein
203559_s_at	1,8	Amiloride binding protein 1 (amine oxidase (copper-containing))
208831_x_at	1,7	Suppressor of Ty (S.cerevisiae) 6 homolog
220095_at	1,7	Hypothetical protein FLJ20276
206243_at	1,7	Tissue inhibitor of metalloproteinase 4
214836_x_at	1,7	602565445F1 NIH_MGC_77 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4690258 5', mRNA sequence.
206404_at	1,7	Fibroblast growth factor 9 (glia-activating factor)
203388_at	1,7	Arrestin, beta 2
208433_s_at	1,7	Low density lipoprotein receptor-related protein 8, apolipoprotein e receptor
221872_at	1,7	wc13e06.x1 NCI_CGAP_Pr28 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2315074 3', mRNA sequence.
203950_s_at	1,7	Chloride channel 6
205795_at	1,7	Neurexin 3
203118_at	1,7	Proprotein convertase subtilisin/kexin type 7
212291_at	1,7	KIAA0630 protein
211336_x_at	1,7	Leukocyte immunoglobulin-like receptor, subfamily B (with TM and ITIM domains), member 1
213071_at	1,7	qb92h06.x1 Soares_fetal_heart_NbHH19W Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1707611 3' similar to SW:DERM_HUMAN Q07507 DERMATOPONTIN PRECURSOR. ;, mRNA sequence.
205578_at	1,7	Receptor tyrosine kinase-like orphan receptor 2
211645_x_at	1,7	gb:M85256.1 /DEF=Homo sapiens immunoglobulin kappa-chain VK-1 (IgK) mRNA, complete cds. /FEA=mRNA /GEN=IgK /PROD=immunoglobulin kappa-chain VK-1 /DB_XREF=gi:186008 /FL=gb:M85256.1
221077_at	1,7	Hypothetical protein FLJ10376
204549_at	1,7	IKK-related kinase epsilon; inducible IkappaB kinase
212324_s_at	1,7	KIAA0453 protein
208699_x_at	1,7	602125377F1 NIH_MGC_56 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4282458 5', mRNA sequence.
202545_at	1,7	Protein kinase C, delta
218811_at	1,7	nac84c04.x1 NCI_CGAP_Brn23 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3441007 3' similar to TR:Q9U6B8 Q9U6B8 F PROTEIN. [1] ;, mRNA sequence.
206170_at	1,7	Adrenergic, beta-2-, receptor, surface
209540_at	1,7	Insulin-like growth factor 1 (somatomedin C)
218959_at	1,7	Homo box C10
221756_at	1,7	Consensus includes gb:AL540260 /FEA=EST /DB_XREF=gi:12870241 /DB_XREF=est:AL540260 /CLONE=CS0DF032YF03 (3 prime) /UG=Hs.26670 Human PAC clone RP3-515N1 from 22q11.2-q22
215485_s_at	1,7	zt20g08.r1 Soares_ovary_tumor_NbHOT Homo sapiens cDNA clone IMAGE:713726 5' similar to gb:M24283 INTERCELLULAR ADHESION MOLECULE-1 PRECURSOR (HUMAN);, mRNA sequence.
215485_s_at	1,7	zt20g08.r1 Soares_ovary_tumor_NbHOT Homo sapiens cDNA clone IMAGE:713726 5' similar to gb:M24283 INTERCELLULAR ADHESION MOLECULE-1 PRECURSOR (HUMAN);, mRNA sequence.
219961_s_at	1,7	Uncharacterized hypothalamus protein HT013
217931_at	1,7	Trinucleotide repeat containing 5
203134_at	1,7	Phosphatidylinositol binding clathrin assembly protein
207663_x_at	1,7	G antigen 3
207663_x_at	1,7	G antigen 3
213620_s_at	1,7	zk95d07.s1 Soares_pregnant_uterus_NbHPU Homo sapiens cDNA clone IMAGE:490573 3' similar to gb:X15606 INTERCELLULAR ADHESION MOLECULE-2 PRECURSOR (HUMAN);, mRNA sequence.
220938_s_at	1,7	Glucocorticoid modulatory element binding protein 1
204114_at	1,7	Nidogen 2
218234_at	1,7	Candidate tumor suppressor p33 ING1 homolog
203987_at	1,7	Frizzled (Drosophila) homolog 6
218509_at	1,7	Hypothetical protein FLJ13055
219904_at	1,7	Hypothetical protein MGC4161
203821_at	1,7	Diphtheria toxin receptor (heparin-binding epidermal growth factor-like growth factor)
209747_at	1,7	Transforming growth factor, beta 3
209747_at	1,7	Transforming growth factor, beta 3
211429_s_at	1,7	Serine (or cysteine) proteinase inhibitor, clade A (alpha-1 antiproteinase, antitrypsin), member 1
219964_at	1,7	Hypothetical protein FLJ20284
213317_at	1,7	SEE ALSO
215155_at	1,7	SEE ALSO
213230_at	1,7	tf65f01.x1 NCI_CGAP_Brn23 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2104153 3', mRNA sequence.
201079_at	1,7	Synaptogyrin 2

ID	cf	Gen
222155_s_at	1,7	Hypothetical protein FLJ11856
218445_at	1,7	Core histone macroH2A2.2
204787_at	1,7	Ig superfamily protein
219116_s_at	1,7	Hypothetical protein FLJ10704
210031_at	1,7	CD3Z antigen, zeta polypeptide (TiT3 complex)
213519_s_at	1,7	oz30d11.x1 Soares_total_fetus_Nb2HF8_9w Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1676853 3' similar to gb:Z26653 MEROSIN HEAVY CHAIN (HUMAN);, mRNA sequence.
204964_s_at	1,7	Sarcospan (Kras oncogene-associated gene)
215685_s_at	1,7	601583540F1 NIH_MGC_7 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3938145 5', mRNA sequence.
211626_x_at	1,7	gb:M21535.1 /DEF=Human erg protein (ets-related gene) mRNA, complete cds. /FEA=mRNA /DB_XREF=gi:182182 /FL=gb:M21535.1
203128_at	1,7	Serine palmitoyltransferase, long chain base subunit 2
201654_s_at	1,7	wu36a08.x1 Soares_Dieckgraefe_colon_NHCD Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2522102 3' similar to SW:PGBM_HUMAN P98160 BASEMENT MEMBRANE-SPECIFIC HEPARAN SULFATE PROTEOGLYCAN CORE PROTEIN PRECURSOR ;, mRNA sequence.
205950_s_at	1,7	Carbonic anhydrase I
213068_at	1,7	qb92h06.x1 Soares_fetal_heart_NbHH19W Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1707611 3' similar to SW:DERM_HUMAN Q07507 DERMATOPONTIN PRECURSOR. ;, mRNA sequence.
209402_s_at	1,7	Solute carrier family 12 (potassium/chloride transporters), member 4
214088_s_at	1,7	xc33a08.x1 NCI_CGAP_Co18 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2586038 3' similar to contains Alu repetitive element;contains element MSR1 repetitive element ;, mRNA sequence.
203561_at	1,7	Fc fragment of IgG, low affinity IIa, receptor for (CD32)
209299_x_at	1,7	Peptidylprolyl isomerase (cyclophilin)-like 2
204163_at	1,7	Elastin microfibril interface located protein
204826_at	1,7	Cyclin F
213807_x_at	1,7	Met proto-oncogene (hepatocyte growth factor receptor)
216118_at	1,7	AU148024 MAMMA1 Homo sapiens cDNA clone MAMMA1002392 3', mRNA sequence.
206553_at	1,7	2'-5'-oligoadenylate synthetase 2 (69-71 kD)
204368_at	1,7	Solute carrier family 21 (prostaglandin transporter), member 2
221210_s_at	1,7	Chromosome 1 open reading frame 13
221545_x_at	1,7	Thyroid hormone receptor-associated protein, 95-kD subunit
212151_at	1,7	602269506F1 NIH_MGC_84 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4357777 5', mRNA sequence.
202805_s_at	1,7	ATP-binding cassette, sub-family C (CFTR/MRP), member 1
204642_at	1,7	Endothelial differentiation, sphingolipid G-protein-coupled receptor, 1
214333_x_at	1,7	Isocitrate dehydrogenase 3 (NAD+) gamma
210649_s_at	1,7	SWI/SNF related, matrix associated, actin dependent regulator of chromatin, subfamily f, member 1
219249_s_at	1,7	Hypothetical protein FLJ22041 similar to FK506 binding proteins
218608_at	1,7	Putative ATPase
208594_x_at	1,7	Leukocyte immunoglobulin-like receptor, subfamily B (with TM and ITIM domains), member 6
214909_s_at	1,7	Dimethylarginine dimethylaminohydrolase 2
204677_at	1,7	Cadherin 5, type 2, VE-cadherin (vascular epithelium)
209500_x_at	1,7	Tumor necrosis factor (ligand) superfamily, member 13
217552_x_at	1,6	th43e02.x1 NCI_CGAP_Lym12 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2121050 3' similar to contains Alu repetitive element;, mRNA sequence.
221851_at	1,6	oy66c04.x1 NCI_CGAP_CLL1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1670790 3', mRNA sequence.
215812_s_at	1,6	Human creatine transporter (SLC6A10) gene, partial cds.
207100_s_at	1,6	Vesicle-associated membrane protein 1 (synaptobrevin 1)
208228_s_at	1,6	Fibroblast growth factor receptor 2 (bacteria-expressed kinase, keratinocyte growth factor receptor, craniofacial dysostosis 1, Crouzon syndrome, Pfeiffer syndrome, Jackson-Weiss syndrome)
210314_x_at	1,6	Tumor necrosis factor (ligand) superfamily, member 13
214900_at	1,6	Consensus includes gb:AC004522 /DEF=Homo sapiens PAC clone RP4-604G5 from 7q22-q31.1 /FEA=CDS_3 /DB_XREF=gi:3006227 /UG=Hs.154212 Homo sapiens PAC clone RP4-604G5 from 7q22-q31.1
209909_s_at	1,6	Transforming growth factor, beta 2
214628_at	1,6	Nescient helix loop helix 1
214628_at	1,6	Nescient helix loop helix 1
219113_x_at	1,6	Retinal short-chain dehydrogenase/reductase retSDR3
204504_s_at	1,6	HIRA-interacting protein 3
215931_s_at	1,6	AV657604 GLC Homo sapiens cDNA clone GLCFDF06 3', mRNA sequence.
214196_s_at	1,6	no90a08.s1 NCI_CGAP_AA1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1114070 3', mRNA sequence.
212096_s_at	1,6	KIAA1288 protein
203413_at	1,6	Nel (chicken)-like 2
209184_s_at	1,6	602127569F1 NIH_MGC_56 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4284401 5', mRNA sequence.
213075_at	1,6	SEE ALSO
219072_at	1,6	B-cell CLL/lymphoma 7C
208700_s_at	1,6	Transketolase (Wernicke-Korsakoff syndrome)
208534_s_at	1,6	Ca2+-promoted Ras inactivator
203004_s_at	1,6	MADS box transcription enhancer factor 2, polypeptide D (myocyte enhancer factor 2D)
217221_x_at	1,6	RNA binding motif protein 10
213716_s_at	1,6	nac79g07.x1 NCI_CGAP_Brn23 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3440820 3', mRNA sequence.
206666_at	1,6	Granzyme K (serine protease, granzyme 3; tryptase II)
208468_at	1,6	SRY (sex determining region Y)-box 21
215185_at	1,6	SEE ALSO
215261_at	1,6	SEE ALSO
215261_at	1,6	SEE ALSO
211430_s_at	1,6	Immunoglobulin heavy constant gamma 3 (G3m marker)
204765_at	1,6	Rho guanine nucleotide exchange factor (GEF) 5
201797_s_at	1,6	Valyl-tRNA synthetase 2

ID	cf	Gen
214054_at	1,6	wj37g10.x1 NCI_CGAP_Lu19 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2405058 3' similar to TR:O60496 O60496 DOCKING PROTEIN. ; mRNA sequence.
204468_s_at	1,6	Tyrosine kinase with immunoglobulin and epidermal growth factor homology domains
214051_at	1,6	602085745F1 NIH_MGC_83 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4249834 5', mRNA sequence.
212630_at	1,6	Similar to S. cerevisiae Sec6p and R. norvegicus rsec6
212630_at	1,6	Similar to S. cerevisiae Sec6p and R. norvegicus rsec6
204626_s_at	1,6	Integrin, beta 3 (platelet glycoprotein IIIa, antigen CD61)
203514_at	1,6	602240326F1 NIH_MGC_46 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4328791 5', mRNA sequence.
37892_at	1,6	alpha-1 (type XI) collagen precursor; Human alpha-1 type XI collagen (COL11A1) mRNA, complete cds.
220162_s_at	1,6	Caspase recruitment domain family, member 9
205641_s_at	1,6	TNFRSF1A-associated via death domain
40016_g_at	1,6	Human mRNA for KIAA0303 gene, partial cds.
212051_at	1,6	SEE ALSO
211432_s_at	1,6	TYRO3 protein tyrosine kinase
205240_at	1,6	LGN protein
200660_at	1,6	S100 calcium-binding protein A11 (calgizzarin)
215913_s_at	1,6	CED-6 protein
214076_at	1,6	we17e05.x1 NCI_CGAP_Lu24 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2341376 3' similar to contains L1.b1 L1 repetitive element ; mRNA sequence.
203029_s_at	1,6	Protein tyrosine phosphatase, receptor type, N polypeptide 2
218559_s_at	1,6	V-maf musculoaponeurotic fibrosarcoma oncogene homolog B (avian)
214448_x_at	1,6	Nuclear factor of kappa light polypeptide gene enhancer in B-cells inhibitor, beta
204272_at	1,6	Lectin, galactoside-binding, soluble, 4 (galectin 4)
208579_x_at	1,6	gb:NM_017445.1 /DEF=Homo sapiens H2B histone family, member S (H2BFS), mRNA. /FEA=CDS /GEN=H2BFS /PROD=H2B histone family, member S /DB_XREF=gi:11036645 /UG=Hs.306200 H2B histone family, member S /FL=gb:NM_017445.1
209581_at	1,6	Similar to rat HREV107
203369_x_at	1,6	Enigma (LIM domain protein)
207169_x_at	1,6	Discoidin domain receptor family, member 1
204891_s_at	1,6	Lymphocyte-specific protein tyrosine kinase
219437_s_at	1,6	Nasopharyngeal carcinoma susceptibility protein
208657_s_at	1,6	MLL septin-like fusion
219010_at	1,6	Hypothetical protein FLJ10901
220743_at	1,6	PRO0149 protein
209499_x_at	1,6	7n90g02.x1 NCI_CGAP_Ov18 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3572138 3' similar to TR:O75888 O75888 PROLIFERATION INDUCING LIGAND APRIL. ; mRNA sequence.
210655_s_at	1,6	gb:AF041336.1 /DEF=Homo sapiens fork head-like protein (FKHRL1P2) mRNA, complete cds. /FEA=mRNA /GEN=FKHRL1P2 /PROD=fork head-like protein /DB_XREF=gi:4106722 /UG=Hs.14845 forkhead box O3A /FL=gb:AF041336.1
216309_x_at	1,6	Jerky (mouse) homolog
204723_at	1,6	Voltage-gated sodium channel beta-3 subunit (scn3b gene)
217134_at	1,6	Methylthioadenosine phosphorylase
220857_at	1,6	PRO0514 protein
210298_x_at	1,6	Four and a half LIM domains 1
220023_at	1,6	Apolipoprotein B48 receptor
201188_s_at	1,6	Inositol 1,4,5-triphosphate receptor, type 3
203434_s_at	1,6	t65g11.x1 NCI_CGAP_Kid11 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2136932 3' similar to gb:j03779 NEPRILYSIN (HUMAN); mRNA sequence.
205665_at	1,6	Tetraspan transmembrane 4 super family
204986_s_at	1,6	Prostate derived STE20-like kinase PSK
221496_s_at	1,6	Transducer of ERBB2, 2
202161_at	1,6	Protein kinase C-like 1
218045_x_at	1,6	Parathymosin
210967_x_at	1,6	Calcium channel, voltage-dependent, beta 1 subunit
210967_x_at	1,6	Calcium channel, voltage-dependent, beta 1 subunit
215089_s_at	1,6	fh03d12.y1 NIH_MGC_17 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2961094 3', mRNA sequence.
208613_s_at	1,6	AV712733 DCA Homo sapiens cDNA clone DCAACE01 5', mRNA sequence.
221530_s_at	1,6	Basic helix-loop-helix domain containing, class B, 3
213433_at	1,6	SEE ALSO
201203_s_at	1,6	wo23c10.x1 NCI_CGAP_Pan1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2456178 3' similar to TR:O75300 O75300 ES/130. ; mRNA sequence.
216191_s_at	1,6	T cell receptor delta locus
213302_at	1,6	DKFZp434A142_s1 434 (synonym: htes3) Homo sapiens cDNA clone DKFZp434A142 3', mRNA sequence.
220538_at	1,6	Hypothetical protein FLJ21135
35147_at	1,6	Human mRNA for KIAA0362 gene, partial cds.
206883_x_at	1,6	Glycoprotein IX (platelet)
211828_s_at	1,6	KIAA0551 protein
206649_s_at	1,6	Transcription factor binding to IGHM enhancer 3
219427_at	1,6	Hypothetical protein FLJ23056
202383_at	1,6	SMC (mouse) homolog, X chromosome
219807_x_at	1,6	RAB4B, member RAS oncogene family
218308_at	1,6	Transforming, acidic coiled-coil containing protein 3
202890_at	1,6	yc04h01.s1 Stratagene lung (#937210) Homo sapiens cDNA clone IMAGE:79729 3', mRNA sequence.
214960_at	1,6	Apoptosis inhibitor 5
203933_at	1,6	KIAA0665 gene product
208384_s_at	1,6	Midline 2
215606_s_at	1,6	ELKS protein

ID	cf	Gen
216733_s_at	1,6	Glycine amidinotransferase (L-arginine:glycine amidinotransferase)
210432_s_at	1,6	Sodium channel, voltage-gated, type III, alpha polypeptide
202017_at	1,6	Epoxide hydrolase 1, microsomal (xenobiotic)
212925_at	1,6	zo31e02.s1 Stratagene colon (#937204) Homo sapiens cDNA clone IMAGE:588506 3', mRNA sequence.
33304_at	1,6	low level estrogen modulated; deduced ORF detected by anti-peptide antisera; Human HEM45 mRNA, complete cds.
218529_at	1,6	8D6 antigen
204263_s_at	1,6	Carnitine palmitoyltransferase II
221234_s_at	1,6	BTB and CNC homology 1, basic leucine zipper transcription factor 2
216349_at	1,6	Consensus includes gb:AL136527 /DEF=Human DNA sequence from clone RP11-215B13 on chromosome 13 Contains the AKAP11 (A kinase (PRKA) anchor protein 11) gene, part of a gene similar to FH (fumarate hydratase), ESTs, STSs, GSSs and a CpG Island /FEA=mRNA_1 /
216349_at	1,6	Consensus includes gb:AL136527 /DEF=Human DNA sequence from clone RP11-215B13 on chromosome 13 Contains the AKAP11 (A kinase (PRKA) anchor protein 11) gene, part of a gene similar to FH (fumarate hydratase), ESTs, STSs, GSSs and a CpG Island /FEA=mRNA_1 /
203392_s_at	1,6	C-terminal binding protein 1
215471_s_at	1,6	Microtubule-associated protein 7
213845_at	1,6	match: proteins: Sw:Q13003 Sw:P42264 Sw:Q13002 Sw:Q91755 Sw:P42260 Sw:P39087 Tr:Q9QUU3 Sw:P22756; Human DNA sequence from clone RP11-487F5 on chromosome 6 Contains the 3' part of the GRIK2 (glutamate receptor, ionotropic, kainate 2) gene, ESTs, STSs and G
220496_at	1,6	C-type lectin-like receptor-2
215756_at	1,6	AU153979 NT2RP3 Homo sapiens cDNA clone NT2RP3004470 3', mRNA sequence.
208973_at	1,6	Prion protein interacting protein
208973_at	1,6	Prion protein interacting protein
40850_at	1,6	Human FK-506 binding protein homologue (FKBP38) mRNA, complete cds.
203550_s_at	1,6	Chromosome 1 open reading frame 2
211194_s_at	1,6	Tumor protein 63 kDa with strong homology to p53
211194_s_at	1,6	Tumor protein 63 kDa with strong homology to p53
214954_at	1,6	602148677F1 NIH_MGC_62 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4307442 5', mRNA sequence.
221933_at	1,6	qq96f07.x1 Soares_total_fetus_Nb2HF8_9w Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1939237 3', mRNA sequence.
202111_at	1,6	Solute carrier family 4, anion exchanger, member 2 (erythrocyte membrane protein band 3-like 1)
213533_at	1,6	Homo sapiens neuron-specific protein gene, last exon, clone D4S234.
221032_s_at	1,6	Transmembrane protease, serine 5 (spinesin)
215039_at	1,6	SEE ALSO
221550_at	1,6	COX15 (yeast) homolog, cytochrome c oxidase assembly protein
205931_s_at	1,6	CAMP response element-binding protein CRE-BPa
220051_at	1,6	Protease, serine, 21 (testisin)
203470_s_at	1,6	ti47f03.x1 NCI_CGAP_Lym12 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2133629 3' similar to gb:X07743_cds1 PLECKSTRIN (HUMAN);, mRNA sequence.
219491_at	1,6	Hypothetical protein MGC3103
203760_s_at	1,6	Src-like-adaptor
202859_x_at	1,6	Interleukin 8
218805_at	1,6	Likely homolog of mouse immunity-associated nucleotide 4
216971_s_at	1,6	H.sapiens gene for plectin.
216938_x_at	1,6	Dopamine receptor D2
221958_s_at	1,6	zf31a02.s1 Soares_fetal_heart_NbHH19W Homo sapiens cDNA clone IMAGE:378506 3', mRNA sequence.
211900_x_at	1,6	CD6 antigen
221135_s_at	1,6	HT001 protein
204857_at	1,6	MAD1 (mitotic arrest deficient, yeast, homolog)-like 1
205606_at	1,6	Low density lipoprotein receptor-related protein 6
203645_s_at	1,6	CD163 antigen
204674_at	1,6	Lymphoid-restricted membrane protein
201674_s_at	1,6	A kinase (PRKA) anchor protein 1
204789_at	1,6	Formin-like
219454_at	1,6	EGF-like-domain, multiple 6
219032_x_at	1,6	Opsin 3 (encephalopsin, panopsin)
221870_at	1,6	tg55d04.x1 NCI_CGAP_Pr28 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2112679 3' similar to gb:M91159 !!!! ALU CLASS E WARNING ENTRY !!!! (HUMAN);, mRNA sequence.
213413_at	1,6	602506106F1 NIH_MGC_79 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4603513 5', mRNA sequence.
218729_at	1,6	Latexin protein
216699_s_at	1,6	Kallikrein 1, renal/pancreas/salivary
205527_s_at	1,6	Gem (nuclear organelle) associated protein 4
219602_s_at	1,6	Hypothetical protein FLJ23403
205574_x_at	1,6	Bone morphogenetic protein 1
221431_s_at	1,6	Olfactory receptor, family 12, subfamily D member 3
206393_at	1,6	Troponin I, skeletal, fast
205333_s_at	1,6	RCE1 (S. Cerevisiae) homolog, prenyl protein protease
204757_s_at	1,6	yh16f01.s1 Soares infant brain INIB Homo sapiens cDNA clone IMAGE:37799 3', mRNA sequence.
203639_s_at	1,6	Fibroblast growth factor receptor 2 (bacteria-expressed kinase, keratinocyte growth factor receptor, craniofacial dysostosis 1, Crouzon syndrome, Pfeiffer syndrome, Jackson-Weiss syndrome)
208960_s_at	1,5	7f09a11.x1 NCI_CGAP_CLL1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3294140 3' similar to TR:Q99612 Q99612 DNA-BINDING PROTEIN CPBP ;, mRNA sequence.
213423_x_at	1,5	w185f06.x1 NCI_CGAP_Brn25 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2431715 3' similar to TR:Q14911 Q14911 N33 PROTEIN FORM 1. [2] TR:Q14912 ;, mRNA sequence.
221649_s_at	1,5	Peter pan (Drosophila) homolog
204917_s_at	1,5	AV756536 BM Homo sapiens cDNA clone BMFAYD08 5', mRNA sequence.
34210_at	1,5	zb11b10.s1 Soares_fetal_lung_NbHL19W Homo sapiens cDNA clone IMAGE:301723 3' similar to gb:X62466 H.sapiens mRNA for CAMPATH-1 (HUMAN);, mRNA sequence.

ID	cf	Gen
204230_s_at	1,5	Solute carrier family 17 (sodium-dependent inorganic phosphate cotransporter), member 7
209409_at	1,5	Growth factor receptor-bound protein 10
209675_s_at	1,5	E1B-55kDa-associated protein 5
221612_at	1,5	HT017 protein
214995_s_at	1,5	UI-H-B14-aos-g-01-0-UI.s1 NCI_CGAP_Sub8 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3086016 3', mRNA sequence.
213421_x_at	1,5	wt54d10.x1 NCI_CGAP_Pan1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2511283 3' similar to gb:X72781 TRYPSINOGEN IVA PRECURSOR (HUMAN);, mRNA sequence.
210757_x_at	1,5	Disabled (Drosophila) homolog 2 (mitogen-responsive phosphoprotein)
219723_x_at	1,5	1-acylglycerol-3-phosphate O-acyltransferase 3
217007_s_at	1,5	A disintegrin and metalloproteinase domain 15 (metargidin)
209716_at	1,5	Colony stimulating factor 1 (macrophage)
204689_at	1,5	Hematopoietically expressed homeobox
213707_s_at	1,5	Consensus includes gb:NM_005221.3 /DEF=Homo sapiens distal-less homeo box 5 (DLX5), mRNA. /FEA=CDS /GEN=DLX5 /PROD=distal-less homeo box 5 /DB_XREF=gi:6224974 /UG=Hs.99348 distal-less homeo box 5 /FL=gb:NM_005221.3
210973_s_at	1,5	Fibroblast growth factor receptor 1 (fms-related tyrosine kinase 2, Pfeiffer syndrome)
203792_x_at	1,5	Zinc finger protein 144 (Mel-18)
210517_s_at	1,5	A kinase (PRKA) anchor protein (gravin) 12
212700_x_at	1,5	KIAA0356 gene product
221882_s_at	1,5	tz93b07.x1 NCI_CGAP_Kid11 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2296117 3' similar to TR:O75539 O75539 HYPOTHETICAL 63.6 KD PROTEIN ;, mRNA sequence.
204383_at	1,5	DiGeorge syndrome critical region gene DGSI; likely ortholog of mouse expressed sequence 2 embryonic lethal
215049_x_at	1,5	CD163 antigen
214450_at	1,5	Cathepsin W (lymphopain)
215984_s_at	1,5	Consensus includes gb:AL121845 /DEF=Human DNA sequence from clone RP4-583P15 on chromosome 20 Contains ESTs, STSs, GSSs and ten CpG islands. Contains the TNFRSF6B gene for tumor necrosis factor receptor 6b (decoy), the 3 part of the KIAA1088 gene, the ARF
218987_at	1,5	Hypothetical protein FLJ10688
214239_x_at	1,5	tn11b01.x1 NCI_CGAP_Brn25 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2167273 3', mRNA sequence.
212099_at	1,5	qj08f09.x1 Soares_NhHMPu_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1855913 3', mRNA sequence.
46665_at	1,5	wq11a04.x1 NCI_CGAP_Kid12 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2470926 3' similar to contains element MSR1 repetitive element ;, mRNA sequence.
204275_at	1,5	wh59f02.x1 NCI_CGAP_Kid11 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2385051 3', mRNA sequence.
204901_at	1,5	aj29a05.s1 Soares_testis_NHT Homo sapiens cDNA clone 1391696 3', mRNA sequence.
210247_at	1,5	UI-H-B11-aea-h-11-0-UI.s1 NCI_CGAP_Sub3 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2718956 3', mRNA sequence.
217047_s_at	1,5	KIAA0914 gene product
218816_at	1,5	LAP (leucine-rich repeats and PDZ) and no PDZ protein
210473_s_at	1,5	gb:M37712.1 /DEF=Human p58GTA (galactosyltransferase associated protein kinase) mRNA, complete cds. /FEA=mRNA /PROD=p58GTA protein kinase /DB_XREF=gi:189480 /UG=Hs.183418 cell division cycle 2-like 1 (PITSLRE proteins) /FL=gb:M37712.1 gb:U04819.1
210473_s_at	1,5	gb:M37712.1 /DEF=Human p58GTA (galactosyltransferase associated protein kinase) mRNA, complete cds. /FEA=mRNA /PROD=p58GTA protein kinase /DB_XREF=gi:189480 /UG=Hs.183418 cell division cycle 2-like 1 (PITSLRE proteins) /FL=gb:M37712.1 gb:U04819.1
204600_at	1,5	EphB3
216735_x_at	1,5	SEE ALSO
208237_x_at	1,5	A disintegrin and metalloproteinase domain 22
221044_s_at	1,5	Tripartite motif-containing 34
216338_s_at	1,5	DKFZP566C243 protein
211876_x_at	1,5	Protocadherin gamma subfamily A, 11
205098_at	1,5	tf24a02.x1 NCI_CGAP_Brn23 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2097098 3' similar to gb:D10925 C-C CHEMOKINE RECEPTOR TYPE 1 (HUMAN);, mRNA sequence.
219797_at	1,5	Mannosyl (alpha-1,3-)-glycoprotein beta-1,4-N-acetylglucosaminyltransferase, isoenzyme A
207416_s_at	1,5	Nuclear factor of activated T-cells, cytoplasmic, calcineurin-dependent 3
221614_s_at	1,5	Rabphilin 3A-like (without C2 domains)
215783_s_at	1,5	Alkaline phosphatase, liver/bone/kidney
209441_at	1,5	KIAA0717 protein
206467_x_at	1,5	Tumor necrosis factor receptor superfamily, member 6b, decoy
219662_at	1,5	Hypothetical protein MGC5509
222218_s_at	1,5	Paired immunoglobulin-like receptor alpha
203749_s_at	1,5	wf24g08.x1 Soares_NFL_T_GBC_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2356574 3' similar to gb:M73779 RETINOIC ACID RECEPTOR ALPHA-1 (HUMAN);, mRNA sequence.
213193_x_at	1,5	AI559122 LTI_NFL008_TC2 Homo sapiens cDNA clone CS0DJ014YE01 5 prime, mRNA sequence.
205276_s_at	1,5	GTP binding protein 1
215693_x_at	1,5	Hypothetical protein FLJ20596
204416_x_at	1,5	Apolipoprotein C-I
215306_at	1,5	SEE ALSO
209661_at	1,5	Kinesin family member C3
204462_s_at	1,5	Solute carrier family 16 (monocarboxylic acid transporters), member 2 (putative transporter)
208104_s_at	1,5	TSC-22-like
221029_s_at	1,5	Wingless-type MMTV integration site family, member 5B
208177_at	1,5	Solute carrier family 34 (sodium phosphate), member 1
206873_at	1,5	Carbonic anhydrase VI
220751_s_at	1,5	Chromosome 5 open reading frame 4
204192_at	1,5	CD37 antigen
206782_s_at	1,5	DnaJ (Hsp40) homolog, subfamily C, member 4
202952_s_at	1,5	A disintegrin and metalloproteinase domain 12 (meltrin alpha)
210644_s_at	1,5	Leukocyte-associated Ig-like receptor 1

ID	cf	Gen
213844_at	1,5	Homeo box A5
211101_x_at	1,5	Leukocyte immunoglobulin-like receptor, subfamily A (with TM domain), member 2
206206_at	1,5	Lymphocyte antigen 64 (mouse) homolog, radioprotective, 105kD
207771_at	1,5	Solute carrier family 5 (sodium/glucose cotransporter), member 2
205423_at	1,5	Adaptor-related protein complex 1, beta 1 subunit
205423_at	1,5	Adaptor-related protein complex 1, beta 1 subunit
206271_at	1,5	Toll-like receptor 3
201350_at	1,5	Flotillin 2
214821_at	1,5	SEE ALSO
211364_at	1,5	Methylthioadenosine phosphorylase
216058_s_at	1,5	Cytochrome P450, subfamily IIC (mephenytoin 4-hydroxylase), polypeptide 19
217223_s_at	1,5	Consensus includes gb:U07000 /DEF=Human breakpoint cluster region (BCR) gene, complete cds /FEA=CDS_4 /DB_XREF=gi:487344 /UG=Hs.234799 breakpoint cluster region
214447_at	1,5	V-ets avian erythroblastosis virus E26 oncogene homolog 1
33767_at	1,5	H.sapiens NF-H gene, exon 1 (and joined CDS).
202616_s_at	1,5	ts93b07.x1 NCL_CGAP_GC6 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2238805 3', mRNA sequence.
214726_x_at	1,5	AL556041 LTI_NFL006_PL2 Homo sapiens cDNA clone CS0DK010YL13 5 prime, mRNA sequence.
202044_at	1,5	Glucocorticoid receptor DNA binding factor 1
214875_x_at	1,5	wt81a04.x1 Soares_thymus_NHFTth Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2513838 3' similar to gb:S60099 AMYLOID-LIKE PROTEIN 2 PRECURSOR (HUMAN);, mRNA sequence.
215379_x_at	1,5	AV698647 GKC Homo sapiens cDNA clone GKCBJC12 5', mRNA sequence.
38487_at	1,5	Start codon is not identified. ha04606 cDNA clone for KIAA0246 has a 1-bp deletion at the position 2638 of the sequence of KIAA0246; Homo sapiens mRNA for KIAA0246 protein, partial cds.
205399_at	1,5	Doublecortin and CaM kinase-like 1
219281_at	1,5	Methionine sulfoxide reductase A
212554_at	1,5	Adenylyl cyclase-associated protein 2
204360_s_at	1,5	N-acetylglucosaminidase, alpha- (Sanfilippo disease IIIB)
210272_at	1,5	Cytochrome P450, subfamily IIB (phenobarbital-inducible), polypeptide 7
211599_x_at	1,5	gb:U19348.1 /DEF=Human (tpr-met fusion) oncogene mRNA, complete cds. /FEA=mRNA /GEN=tprmet fusion /PROD=tpr-met fusion protein /DB_XREF=gi:625085 /FL=gb:U19348.1
218745_x_at	1,5	Hypothetical protein FLJ20422
205016_at	1,5	Transforming growth factor, alpha
207978_s_at	1,5	Nuclear receptor subfamily 4, group A, member 3
212776_s_at	1,5	wr57d03.x1 NCL_CGAP_Ut1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2491781 3' similar to TR:O75147 O75147 KIAA0657 PROTEIN ;, mRNA sequence.
206545_at	1,5	CD28 antigen (Tp44)
214505_s_at	1,5	Four and a half LIM domains 1
221988_at	1,5	zx97b05.s1 Soares_NhHMPu_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:811665 3' similar to contains Alu repetitive element;, mRNA sequence.
204288_s_at	1,5	Arg/Abl-interacting protein ArgBP2
209811_at	1,5	Caspase 2, apoptosis-related cysteine protease (neural precursor cell expressed, developmentally down-regulated 2)
211153_s_at	1,5	Tumor necrosis factor (ligand) superfamily, member 11
204456_s_at	1,5	hg86h08.x1 NCL_CGAP_Kid11 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2952543 3' similar to SW:GAS1_HUMAN P54826 GROWTH-ARREST-SPECIFIC PROTEIN 1 ;, mRNA sequence.
209385_s_at	1,5	Proline synthetase co-transcribed (bacterial homolog)
209385_s_at	1,5	Proline synthetase co-transcribed (bacterial homolog)
203887_s_at	1,5	Thrombomodulin
203887_s_at	1,5	Thrombomodulin
219518_s_at	1,5	Hypothetical protein FLJ22637
218183_at	1,5	Chromosome 16 open reading frame 5
215701_at	1,5	SEE ALSO
204743_at	1,5	Neuronal protein
204806_x_at	1,5	Major histocompatibility complex, class I, F
213348_at	1,5	yy35b09.s1 Soares_melanocyte_2NbHM Homo sapiens cDNA clone IMAGE:273209 3', mRNA sequence.
218546_at	1,5	Hypothetical protein FLJ14146
210050_at	1,5	Triosephosphate isomerase 1
200623_s_at	1,5	Calmodulin 3 (phosphorylase kinase, delta)
213389_at	1,5	UI-H-BI4-aoo-g-08-0-UI.s1 NCL_CGAP_Sub8 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3085646 3', mRNA sequence.
207788_s_at	1,5	Vinexin beta (SH3-containing adaptor molecule-1)
205207_at	1,5	Interleukin 6 (interferon, beta 2)
218974_at	1,5	Hypothetical protein FLJ10159
214138_at	1,5	zt22c06.s1 Soares_ovary_tumor_NbHOT Homo sapiens cDNA clone IMAGE:713866 3' similar to TR:G505548 G505548 ZINC-FINGER PROTEIN ;, mRNA sequence.
220000_at	1,5	Sialic acid binding Ig-like lectin 5
203274_at	1,5	Coagulation factor VIII-associated (intronic transcript)
209185_s_at	1,5	Insulin receptor substrate 2
204985_s_at	1,5	Hypothetical protein MGC2650
201159_s_at	1,5	N-myristoyltransferase 1
203828_s_at	1,5	Natural killer cell transcript 4
203828_s_at	1,5	Natural killer cell transcript 4
212110_at	1,5	KIAA0062 protein
200836_s_at	1,5	Microtubule-associated protein 4
213449_at	1,5	KIAA0061 protein
202902_s_at	1,5	Cathepsin S
208146_s_at	1,5	Carboxypeptidase, vitellogenic-like
200646_s_at	1,5	Nucleobindin 1

ID	cf	Gen
203005_at	1,5	Lymphotoxin beta receptor (TNFR superfamily, member 3)
202552_s_at	1,5	Cysteine-rich motor neuron 1
203979_at	1,5	Cytochrome P450, subfamily XXVIIA (steroid 27-hydroxylase, cerebrotendinous xanthomatosis), polypeptide 1
216614_at	1,5	MAPPING INFORMATION
204563_at	1,5	Selectin L (lymphocyte adhesion molecule 1)
214036_at	1,5	hs87a06.x1 NCI_CGAP_Kid13 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3144178 3', mRNA sequence.
200879_s_at	1,5	Endothelial PAS domain protein 1
205977_s_at	1,5	EphA1
211557_x_at	1,5	Solute carrier family 21 (organic anion transporter), member 9
208420_x_at	1,5	Suppressor of Ty (S.cerevisiae) 6 homolog
201487_at	1,5	Cathepsin C
217025_s_at	1,5	Drebrin 1
205068_s_at	1,5	7e45g09.x1 NCI_CGAP_Lu24 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3285472 3', mRNA sequence.
209667_at	1,5	601454201F1 NIH_MGC_66 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3857928 5', mRNA sequence.
202221_s_at	1,5	AV727101 HTC Homo sapiens cDNA clone HTCBCGF05 5', mRNA sequence.
202743_at	1,5	601440792T1 NIH_MGC_72 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3915695 3', mRNA sequence.
212843_at	1,5	zn86a09.s1 Stratagene lung carcinoma 937218 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:565048 3' similar to gb:M26252 PYRUVATE KINASE, M2 ISOZYME (HUMAN);, mRNA sequence.
219622_at	1,5	Hypothetical protein FLJ20429
201704_at	1,5	Ectonucleoside triphosphate diphosphohydrolase 6 (putative function)
38340_at	1,5	Homo sapiens mRNA for KIAA0655 protein, partial cds.
211780_x_at	1,5	Dynactin 1 (p150, Glued (Drosophila) homolog)
212884_x_at	1,5	qy24a09.x1 NCI_CGAP_Brn23 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2012920 3' similar to gb:M12529 APOLIPOPROTEIN E PRECURSOR (HUMAN);contains PTR5.t3 TAR1 repetitive element ;, mRNA sequence.
210761_s_at	1,5	Growth factor receptor-bound protein 7
201978_s_at	1,5	KIAA0141 gene product
215833_s_at	1,5	Hypothetical 43.4 kDa human protein; Homo sapiens chromosome 19, fosmid 39554, complete sequence.
218843_at	1,5	Hypothetical protein FLJ22362
212964_at	1,5	HIC1-related gene on chromosome 22
210582_s_at	1,5	LIM domain kinase 2
202833_s_at	1,5	Serine (or cysteine) proteinase inhibitor, clade A (alpha-1 antiproteinase, antitrypsin), member 1
201168_x_at	1,5	Rho GDP dissociation inhibitor (GDI) alpha
205147_x_at	1,5	Neutrophil cytosolic factor 4 (40kD)
209878_s_at	1,5	V-rel avian reticuloendotheliosis viral oncogene homolog A (nuclear factor of kappa light polypeptide gene enhancer in B-cells 3 (p65))
209237_s_at	1,5	Solute carrier family 23 (nucleobase transporters), member 1
209237_s_at	1,5	Solute carrier family 23 (nucleobase transporters), member 1
212025_s_at	1,5	see GenBank Accession Number U01184 for cDNA; similar to Drosophila melanogaster flil in GenBank Accession Number U01182 and Caenorhabditis elegans flil homolog in GenBank Accession Number U01183; Homo sapiens FLII gene, complete cds.
212025_s_at	1,5	see GenBank Accession Number U01184 for cDNA; similar to Drosophila melanogaster flil in GenBank Accession Number U01182 and Caenorhabditis elegans flil homolog in GenBank Accession Number U01183; Homo sapiens FLII gene, complete cds.
214581_x_at	1,5	601341661F1 NIH_MGC_53 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3683823 5', mRNA sequence.
208595_s_at	1,5	Methyl-CpG binding domain protein 1
222245_s_at	1,5	Hypothetical protein FLJ13459
202676_x_at	1,5	FAST kinase
218062_x_at	1,5	Cdc42 effector protein 4; binder of Rho GTPases 4
209841_s_at	1,5	Leucine-rich repeat protein, neuronal 3
221529_s_at	1,5	Plasmalemma vesicle associated protein
216528_at	1,5	SEE ALSO
202281_at	1,5	Cyclin G associated kinase
204306_s_at	1,5	CD151 antigen
212358_at	1,5	DKFZP586N1922 protein
201280_s_at	1,5	Disabled (Drosophila) homolog 2 (mitogen-responsive phosphoprotein)
205717_x_at	1,5	Protocadherin gamma subfamily C, 3
221983_at	1,5	DKFZp434I2415_s1 434 (synonym: htes3) Homo sapiens cDNA clone DKFZp434I2415 3', mRNA sequence.
220028_at	1,5	Activin A receptor, type IIB
203934_at	1,5	Kinase insert domain receptor (a type III receptor tyrosine kinase)
203608_at	1,5	Consensus includes gb:AL031230 /DEF=Human DNA sequence from clone 73M23 on chromosome 6p22.2-22.3. Contains the 5 part of the possibly alternatively spliced gene for Phosphatidylinositol-glycan-specific Phospholipase D 1 precursor (EC 3.1.4.50, PIGPLD1, G
217849_s_at	1,5	CDC42-binding protein kinase beta (DMPK-like)
202150_s_at	1,5	Enhancer of filamentation 1 (cas-like docking; Crk-associated substrate related)
210127_at	1,5	RAB6B, member RAS oncogene family
210127_at	1,5	RAB6B, member RAS oncogene family
202877_s_at	1,5	zd70c06.s1 Soares_fetal_heart_NbHH19W Homo sapiens cDNA clone IMAGE:345994 3', mRNA sequence.
217865_at	1,5	Goliath protein
44673_at	1,5	yv43e09.s1 Soares fetal liver spleen 1NFLS Homo sapiens cDNA clone IMAGE:245512 3', mRNA sequence.
209079_x_at	1,5	Protocadherin gamma subfamily A, 1
210992_x_at	1,5	Fc fragment of IgG, low affinity IIa, receptor for (CD32)
201806_s_at	1,5	Ataxin 2 related protein
214746_s_at	1,5	7b38a04.x1 NCI_CGAP_Lu24 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3230478 3', mRNA sequence.
221002_s_at	1,5	Hypothetical protein MGC11352
201937_s_at	1,5	Aspartyl aminopeptidase
215687_x_at	1,5	zt1f101.r1 Soares_testis_NHT Homo sapiens cDNA clone IMAGE:727801 5' similar to SW:PIP1_BOVIN P10894 1-PHOSPHATIDYLINOSITOL-4,5-BISPHOSPHATE PHOSPHODIESTERASE BETA 1 ;, mRNA sequence.

ID	cf	Gen
205692_s_at	1,5	CD38 antigen (p45)
202156_s_at	1,5	yy35f07.s1 Soares melanocyte 2NbHM Homo sapiens cDNA clone IMAGE:273253 3', mRNA sequence.
221064_s_at	1,5	Hypothetical protein FLJ23360
221584_s_at	1,5	Potassium large conductance calcium-activated channel, subfamily M, alpha member 1
221991_at	1,5	Neurexophilin 3
213385_at	1,5	Chimerin (chimaerin) 2
211001_at	1,5	Tripartite motif-containing 29
205432_at	1,5	Oviductal glycoprotein 1, 120kD (mucin 9, oviductin)
206836_at	1,5	Solute carrier family 6 (neurotransmitter transporter, dopamine), member 3
220577_at	1,5	Hypothetical protein FLJ13373
216627_s_at	1,5	UDP-Gal:betaGlcNAc beta 1,4- galactosyltransferase, polypeptide 1
34726_at	1,5	Human voltage-gated calcium channel beta subunit mRNA, complete cds.
219654_at	1,5	Protein tyrosine phosphatase-like (proline instead of catalytic arginine), member a
201932_at	1,5	MUF1 protein
201932_at	1,5	MUF1 protein
206220_s_at	1,5	RAS p21 protein activator (GTPase activating protein) 3 (Ins(1,3,4,5)P4-binding protein)
213537_at	1,5	qc33e05.x1 Soares_pregnant_uterus_NbHPU Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1711424 3', mRNA sequence.
203600_s_at	1,5	Gene with multiple splice variants near HD locus on 4p16.3
207595_s_at	1,5	Bone morphogenetic protein 1
209493_at	1,5	KIAA0300 protein
218831_s_at	1,5	Fc fragment of IgG, receptor, transporter, alpha
204340_at	1,5	Chromosome X open reading frame 12
215429_s_at	1,5	hd91b04.x4 NCI_CGAP_GC6 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2916847 3' similar to TR:O95054 O95054 R28379_3 ;, mRNA sequence.
213820_s_at	1,5	ya90f07.s2 Stratagene placenta (#937225) Homo sapiens cDNA clone IMAGE:68965 3', mRNA sequence.
202973_x_at	1,5	KIAA0914 gene product
203372_s_at	1,5	STAT induced STAT inhibitor-2
214873_at	1,5	SEE ALSO
40687_at	1,5	Homo sapiens connexin 37 (GJA4) mRNA, complete cds.
205398_s_at	1,5	MAD (mothers against decapentaplegic, Drosophila) homolog 3
205160_at	1,5	Peroxisomal biogenesis factor 11A
215446_s_at	1,5	Lysyl oxidase
215684_s_at	1,5	Hypothetical protein
218540_at	1,5	Hypothetical protein MGC2652
218540_at	1,5	Hypothetical protein MGC2652
218767_at	1,5	XPMC2 protein
217200_x_at	1,5	Cytochrome b-561
211717_at	1,5	Hypothetical protein MGC15396
205227_at	1,5	Interleukin 1 receptor accessory protein
205227_at	1,5	Interleukin 1 receptor accessory protein
221884_at	1,5	hx94b10.x1 NCI_CGAP_Kid11 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3195451 3' similar to gb:S69002 ECOTROPIC VIRUS INTEGRATION 1 SITE PROTEIN (HUMAN);, mRNA sequence.
214104_at	1,5	wd92g12.x1 NCI_CGAP_Lu24 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2339110 3' similar to TR:O75963 O75963 G-PROTEIN COUPLED RECEPTOR RE2. ;, mRNA sequence.
218822_s_at	1,5	Hypothetical protein FLJ11583
219729_at	1,4	Paired related homeobox protein
202701_at	1,4	Bone morphogenetic protein 1
209668_x_at	1,4	Carboxylesterase 2 (intestine, liver)
205843_x_at	1,4	Carnitine acetyltransferase
219993_at	1,4	Likely ortholog of mouse SRY-box containing gene 17
219545_at	1,4	Hypothetical protein MGC2376
221999_at	1,4	7h71f04.x1 NCI_CGAP_Co16 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3321439 3' similar to contains element MER6 repetitive element ;, mRNA sequence.
217897_at	1,4	FXFD domain-containing ion transport regulator 6
218828_at	1,4	Phospholipid scramblase 3
221833_at	1,4	U70056 Soares infant brain 1NIB Homo sapiens cDNA clone 25050, mRNA sequence.
221477_s_at	1,4	602133624F1 NIH_MGC_81 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4288756 5', mRNA sequence.
217784_at	1,4	601277836F1 NIH_MGC_20 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3618848 5', mRNA sequence.
216264_s_at	1,4	Laminin, beta 2 (laminin S)
213996_at	1,4	Hypothetical protein
217274_x_at	1,4	Myosin, light polypeptide 4, alkali; atrial, embryonic
202367_at	1,4	Cut (Drosophila)-like 1 (CCAAT displacement protein)
217844_at	1,4	Nuclear LIM interactor-interacting factor
217525_at	1,4	xv99d08.x1 NCI_CGAP_Brn53 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2826639 3', mRNA sequence.
202887_s_at	1,4	Hypothetical protein
210169_at	1,4	KIAA0420 gene product
206391_at	1,4	Retinoic acid receptor responder (tazarotene induced) 1
220055_at	1,4	Zinc finger protein 287
221618_s_at	1,4	TAF9-like RNA polymerase II, TATA box binding protein (TBP)-associated factor, 31 kD
205594_at	1,4	KIAA0924 protein
221666_s_at	1,4	Apoptosis-associated speck-like protein containing a CARD
208779_x_at	1,4	Discoidin domain receptor family, member 1
216036_x_at	1,4	KIAA1037 protein
208686_s_at	1,4	Bromodomain-containing 2
222067_x_at	1,4	Consensus includes gb:AL353759 /DEF=Human DNA sequence from clone RP1-221C16 on chromosome 6. Contains two genes for novel histone 4 family members, two genes for novel histone 1 family members, three genes for novel

ID	cf	Gen
		histone 2B family members, a gene for
205986_at	1,4	Apoptosis-associated tyrosine kinase
207630_s_at	1,4	CAMP responsive element modulator
207630_s_at	1,4	CAMP responsive element modulator
202142_at	1,4	COP9 homolog
215906_at	1,4	SEE ALSO
206933_s_at	1,4	Hexose-6-phosphate dehydrogenase (glucose 1-dehydrogenase)
206933_s_at	1,4	Hexose-6-phosphate dehydrogenase (glucose 1-dehydrogenase)
206933_s_at	1,4	Hexose-6-phosphate dehydrogenase (glucose 1-dehydrogenase)
217404_s_at	1,4	Collagen, type II, alpha 1 (primary osteoarthritis, spondyloepiphyseal dysplasia, congenital)
64064_at	1,4	th95b11.x1 Soares_NSF_F8_9W_OT_PA_P_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2126397 3', mRNA sequence.
214225_at	1,4	7d74a04.x1 NCL_CGAP_Lu24 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3278670 3' similar to WP:Y48C3A.S CE22150 ;, mRNA sequence.
215370_at	1,4	AU145394 HEMBA1 Homo sapiens cDNA clone HEMBA1004711 3', mRNA sequence.
49049_at	1,4	zb44c04.s1 Soares_fetal_lung_NbHL19W Homo sapiens cDNA clone IMAGE:306438 3', mRNA sequence.
205498_at	1,4	Growth hormone receptor
211342_x_at	1,4	Trinucleotide repeat containing 11 (THR-associated protein, 230 kDa subunit)
209035_at	1,4	Midkine (neurite growth-promoting factor 2)
212625_at	1,4	Syntaxin 10
218656_s_at	1,4	Lipoma HMGIC fusion partner
215128_at	1,4	AV704232 ADB Homo sapiens cDNA clone ADBBLB11 5', mRNA sequence.
211663_x_at	1,4	gb:M61900.1 /DEF=Human prostaglandin D synthase gene, complete cds. /FEA=mRNA /PROD=prostaglandin D synthase; prostaglandin D synthase /DB_XREF=gi:190443 /FL=gb:M61900.1
206123_at	1,4	Lethal giant larvae (Drosophila) homolog 1
209487_at	1,4	RNA-binding protein gene with multiple splicing
203615_x_at	1,4	Sulfotransferase family, cytosolic, 1A, phenol-preferring, member 1
216537_s_at	1,4	Sialic acid binding Ig-like lectin 7
202262_x_at	1,4	Dimethylarginine dimethylaminohydrolase 2
211059_s_at	1,4	SEE ALSO
204550_x_at	1,4	Glutathione S-transferase M1
221655_x_at	1,4	Hypothetical protein FLJ20258
219413_at	1,4	Hypothetical protein FLJ13322
219253_at	1,4	Hypothetical protein FLJ20979
206371_at	1,4	Folate receptor 3 (gamma)
211716_x_at	1,4	Rho GDP dissociation inhibitor (GDI) alpha
209840_s_at	1,4	qh01b02.x1 Soares_NFL_T_GBC_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1843371 3' similar to TR:P97860 P97860 LEUCINE RICH REPEAT PROTEIN 3, NEURONAL PRECURSOR ;, mRNA sequence.
1007_s_at	1,4	Human receptor tyrosine kinase DDR gene, complete cds.
202326_at	1,4	HLA-B associated transcript 8
202154_x_at	1,4	Tubulin, beta, 4
218723_s_at	1,4	RGC32 protein
218010_x_at	1,4	Hypothetical protein MGC2479
208886_at	1,4	H1 histone family, member 0
202861_at	1,4	Period (Drosophila) homolog 1
219952_s_at	1,4	Mucolipin 1
215222_x_at	1,4	Actin cross-linking factor
217312_s_at	1,4	Collagen, type VII, alpha 1 (epidermolysis bullosa, dystrophic, dominant and recessive)
217312_s_at	1,4	Collagen, type VII, alpha 1 (epidermolysis bullosa, dystrophic, dominant and recessive)
219640_at	1,4	Claudin 15
210749_x_at	1,4	Discoidin domain receptor family, member 1
205794_s_at	1,4	Neuro-oncological ventral antigen 1
204501_at	1,4	Nephroblastoma overexpressed gene
203604_at	1,4	yy42c06.s1 Soares melanocyte 2NbHM Homo sapiens cDNA clone IMAGE:273898 3', mRNA sequence.
218848_at	1,4	Hypothetical protein MGC2655
221302_at	1,4	Kruppel-like factor 15
209784_s_at	1,4	Jagged 2
211136_s_at	1,4	Cleft lip and palate associated transmembrane protein 1
205330_at	1,4	Meningioma (disrupted in balanced translocation) 1
201264_at	1,4	Coatmer protein complex, subunit epsilon
202894_at	1,4	EphB4
205019_s_at	1,4	Vasoactive intestinal peptide receptor 1
203254_s_at	1,4	Talin 1
91816_f_at	1,4	C18318 Human placenta cDNA (TFujiwara) Homo sapiens cDNA clone GEN-560E03 5', mRNA sequence.
218935_at	1,4	EH-domain containing 3
219235_s_at	1,4	Hypothetical protein FLJ13171
214894_x_at	1,4	Actin cross-linking factor
212430_at	1,4	Consensus includes gb:AL109955 /DEF=Human DNA sequence from clone RP4-800J21 on chromosome 20 Contains ESTs, STSs, GSSs and CpG islands. Contains the 3 part of the RAE1 gene for a homolog to RNA export protein 1 from S.pombe and the gene for the ssDNA bin
208992_s_at	1,4	Signal transducer and activator of transcription 3 (acute-phase response factor)
201046_s_at	1,4	RAD23 (S. cerevisiae) homolog A
210023_s_at	1,4	Hypothetical protein MGC10882
210135_s_at	1,4	Short stature homeobox 2
47069_at	1,4	nj66e12.s1 NCL_CGAP_Pr10 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:997486 similar to contains TAR1.t3 TAR1 TAR1 repetitive element ;, mRNA sequence.
212627_s_at	1,4	AL581473 LTI_FL011_BC1 Homo sapiens cDNA clone CS0DG004YK09 3 prime , mRNA sequence.

ID	cf	Gen
209203_s_at	1,4	KIAA0699 protein
219213_at	1,4	Junctional adhesion molecule 2
205449_at	1,4	Protein predicted by clone 23627
213764_s_at	1,4	hi95d02.x1 Soares_NFL_T_GBC_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2980035 3', mRNA sequence.
215995_x_at	1,4	AU147598 MAMMA1 Homo sapiens cDNA clone MAMMA1001143 3', mRNA sequence.
209164_s_at	1,4	Cytochrome b-561
203652_at	1,4	Mitogen-activated protein kinase kinase kinase 11
206036_s_at	1,4	V-rel avian reticuloendotheliosis viral oncogene homolog
216100_s_at	1,4	602384379F1 NIH_MGC_93 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4513362 5', mRNA sequence.
211495_x_at	1,4	Tumor necrosis factor (ligand) superfamily, member 13
218075_at	1,4	Aladin
212684_at	1,4	cn14f02.x1 Normal Human Trabecular Bone Cells Homo sapiens cDNA clone NHTBC_cn14f02 random, mRNA sequence.
219259_at	1,4	Hypothetical protein FLJ12287 similar to semaphorins
208583_x_at	1,4	H2A histone family, member E
208583_x_at	1,4	H2A histone family, member E
204542_at	1,4	Sialyltransferase
211205_x_at	1,4	Phosphatidylinositol-4-phosphate 5-kinase, type I, alpha
219877_at	1,4	Hypothetical protein FLJ13842
205865_at	1,4	Dead ringer (Drosophila)-like 1
209369_at	1,4	Annexin A3
214181_x_at	1,4	at20b12.x1 Barstead aorta HPLRB6 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2355647 3' similar to TR:Q13669 Q13669 ;, mRNA sequence.
202519_at	1,4	KIAA0867 protein
220341_s_at	1,4	Truncated calcium binding protein
201229_s_at	1,4	Ariadne (Drosophila) homolog 2
219165_at	1,4	PDZ-LIM protein mystique
218149_s_at	1,4	Hypothetical protein DKFZp434K1210
212080_at	1,4	Myeloid/lymphoid or mixed-lineage leukemia (trithorax (Drosophila) homolog)
201976_s_at	1,4	Myosin X
205622_at	1,4	Sphingomyelin phosphodiesterase 2, neutral membrane (neutral sphingomyelinase)
208110_x_at	1,4	Hypothetical protein TCBAP0758
208110_x_at	1,4	Hypothetical protein TCBAP0758
204532_x_at	1,4	UDP glycosyltransferase 1 family, polypeptide A9
219635_at	1,4	Hypothetical protein FLJ14260
201050_at	1,4	Similar to vaccinia virus HindIII K4L ORF
208928_at	1,4	P450 (cytochrome) oxidoreductase
208928_at	1,4	P450 (cytochrome) oxidoreductase
211304_x_at	1,4	Potassium inwardly-rectifying channel, subfamily J, member 5
205748_s_at	1,4	Hypothetical protein FLJ20552
204090_at	1,4	Serine/threonine kinase 19
204156_at	1,4	zk50b06.r1 Soares_pregnant_uterus_NbHPU Homo sapiens cDNA clone IMAGE:486227 5', mRNA sequence.
209726_at	1,4	Carbonic anhydrase XI
205786_s_at	1,4	Integrin, alpha M (complement component receptor 3, alpha; also known as CD11b (p170), macrophage antigen alpha polypeptide)
221551_x_at	1,4	NeuAc-alpha-2,3-Gal-beta-1,3-GalNAc-alpha-2, 6-sialyltransferase alpha2,6-sialyltransferase
203853_s_at	1,4	GRB2-associated binding protein 2
204520_x_at	1,4	Bromodomain-containing 1
208128_x_at	1,4	Kinesin-like 3
212226_s_at	1,4	AL576654 LTL_NFL006_PL2 Homo sapiens cDNA clone CS0DI080YN02 3 prime, mRNA sequence.
201984_s_at	1,4	Epidermal growth factor receptor (avian erythroblastic leukemia viral (v-erb-b) oncogene homolog)
219229_at	1,4	Solute carrier family 21 (organic anion transporter), member 11
207547_s_at	1,4	TU3A protein
202002_at	1,4	wz98h08.x1 NCI_CGAP_Brn25 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2566911 3', mRNA sequence.
218586_at	1,4	Hypothetical protein FLJ10914
202248_at	1,4	gb:BC000110.1 /DEF=Homo sapiens, Similar to E2F transcription factor 5, clone MGC:1262, mRNA, complete cds. /FEA=mRNA /PROD=Similar to E2F transcription factor 5 /DB_XREF=gi:12652720 /UG=Hs.108371 E2F transcription factor 4, p107p130-binding /FL=gb:BC000
222106_at	1,4	Consensus includes gb:AL133396 /DEF=Human DNA sequence from clone RP5-1068H6 on chromosome 20q11.1-11.23. Contains a pseudogene similar to IDI1 (isopentenyl-diphosphate delta isomerase), the gene for the prion protein like doppel protein, the PRNP gene fo
211066_x_at	1,4	Protocadherin gamma subfamily C, 3
202642_s_at	1,4	Transformation/transcription domain-associated protein
205258_at	1,4	Inhibin, beta B (activin AB beta polypeptide)
203796_s_at	1,4	wp10g03.x1 NCI_CGAP_Kid12 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2464468 3', mRNA sequence.
205793_x_at	1,4	Tyrosine kinase, non-receptor, 1
204776_at	1,4	Thrombospondin 4
213622_at	1,4	oq93g07.x5 NCI_CGAP_Kid6 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1593948 3', mRNA sequence.
206392_s_at	1,4	Retinoic acid receptor responder (tazarotene induced) 1
219188_s_at	1,4	LRP16 protein
221498_at	1,4	nac82b01.x1 NCI_CGAP_Brn23 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3440593 3', mRNA sequence.
213159_at	1,4	KIAA0805 protein
209374_s_at	1,4	Immunoglobulin heavy constant mu
208002_s_at	1,4	Cytosolic acyl coenzyme A thioester hydrolase
215271_at	1,4	nab85f07.x1 Soares_NSF_F8_9W_OT_PA_P_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3274525 3', mRNA sequence.
219409_at	1,4	Hypothetical protein FLJ12553

ID	cf	Gen
218560_s_at	1,4	Hypothetical protein FLJ12517
207449_s_at	1,4	Chromosome 21 open reading frame 80
209901_x_at	1,4	Allograft inflammatory factor 1
221528_s_at	1,4	Engulfment and cell motility 2 (ced-12 homolog, <i>C. elegans</i>)
206625_at	1,4	Retinal degeneration, slow (retinitis pigmentosa 7)
202364_at	1,4	MAX-interacting protein 1
218855_at	1,4	Seven transmembrane domain orphan receptor
211395_x_at	1,4	Fc fragment of IgG, low affinity IIb, receptor for (CD32)
204431_at	1,4	Transducin-like enhancer of split 2, homolog of <i>Drosophila</i> E(sp1)
220811_at	1,4	Proteoglycan 3
221038_at	1,4	Hypothetical protein PRO1942
221038_at	1,4	Hypothetical protein PRO1942
221507_at	1,4	602380357F1 NIH_MGC_92 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4510766 5', mRNA sequence.
202555_s_at	1,4	Myosin, light polypeptide kinase
216563_at	1,4	KIAA0874 protein
207114_at	1,4	G6C protein
214364_at	1,4	zd90g09.s1 Soares_fetal_heart_NbHH19W Homo sapiens cDNA clone IMAGE:356800 3', mRNA sequence.
202947_s_at	1,4	Glycophorin C (Gerbich blood group)
221834_at	1,4	U70056 Soares infant brain 1NIB Homo sapiens cDNA clone 25050, mRNA sequence.
220442_at	1,4	UDP-N-acetyl-alpha-D-galactosamine:polypeptide N-acetylgalactosaminyltransferase 4 (GalNAc-T4)
200965_s_at	1,4	Actin binding LIM protein 1
200824_at	1,4	Glutathione S-transferase pi
200824_at	1,4	Glutathione S-transferase pi
221867_at	1,4	7p06b05.x1 NCL_CGAP_Ov18 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3644888 3', mRNA sequence.
203610_s_at	1,4	Ring finger protein 15
201329_s_at	1,4	V-ets avian erythroblastosis virus E26 oncogene homolog 2
208018_s_at	1,4	Hemopoietic cell kinase
217430_x_at	1,4	Collagen, type I, alpha 1
211356_x_at	1,4	Leptin receptor
216833_x_at	1,4	Glycophorin B (includes Ss blood group)
219358_s_at	1,4	Centaurin, alpha 2
206086_x_at	1,4	Hemochromatosis
220363_s_at	1,4	Engulfment and cell motility 2 (ced-12 homolog, <i>C. elegans</i>)
218324_s_at	1,4	Hypothetical protein FLJ13117
202216_x_at	1,4	Nuclear transcription factor Y, gamma
201538_s_at	1,4	Dual specificity phosphatase 3 (vaccinia virus phosphatase VH1-related)
217891_at	1,4	Hypothetical protein FLJ13868
203674_at	1,4	Helicase KIAA0054
204346_s_at	1,4	Ras association (RalGDS/AF-6) domain family 1
215533_s_at	1,4	Ubiquitination factor E4B (homologous to yeast UFD2)
213636_at	1,4	KIAA1045 protein
214879_x_at	1,4	Upstream transcription factor 2, c-fos interacting
203273_s_at	1,4	Lung cancer candidate
209381_x_at	1,4	Splicing factor 3a, subunit 2, 66kD
205148_s_at	1,4	zf79c11.s1 Soares_pineal_gland_N3HPG Homo sapiens cDNA clone IMAGE:383156 3', mRNA sequence.
209885_at	1,4	Ras homolog gene family, member
210136_at	1,4	xa11b04.x1 Soares_NFL_T_GBC_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2567983 3' similar to gb:M30516 MYELIN BASIC PROTEIN (HUMAN);, mRNA sequence.
218664_at	1,4	CGI-63 protein
213130_at	1,4	DKFZP434N043 protein
201478_s_at	1,4	Dyskeratosis congenita 1, dyskerin
212285_s_at	1,4	Agrin
204567_s_at	1,4	ATP-binding cassette, sub-family G (WHITE), member 1
204693_at	1,4	Serum constituent protein
205236_x_at	1,4	Superoxide dismutase 3, extracellular
204266_s_at	1,4	Choline kinase
213066_at	1,4	KIAA0375 gene product
211160_x_at	1,4	Actinin, alpha 1
204882_at	1,4	KIAA0053 gene product
209929_s_at	1,4	gb:AF091453.1 / DEF=Homo sapiens NEMO protein (NEMO) mRNA, complete cds. / FEA=mRNA / GEN=NEMO / PROD=NEMO protein / DB_XREF=gi:5031140 / UG=Hs.43505 inhibitor of kappa light polypeptide gene enhancer in B-cells, kinase gamma / FL=gb:AF091453.1
208983_s_at	1,4	Platelet/endothelial cell adhesion molecule (CD31 antigen)
208983_s_at	1,4	Platelet/endothelial cell adhesion molecule (CD31 antigen)
202815_s_at	1,4	HMBA-inducible
208158_s_at	1,4	Oxysterol-binding protein-related protein 1
213198_at	1,4	SEE ALSO
202226_s_at	1,4	V-crk avian sarcoma virus CT10 oncogene homolog
212736_at	1,4	60094471T1 NIH_MGC_17 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2960548 3', mRNA sequence.
206525_at	1,4	Gamma-aminobutyric acid (GABA) receptor, rho 1
209403_at	1,4	Hypothetical protein DKFZp434P2235
201419_at	1,4	BRCA1 associated protein-1 (ubiquitin carboxy-terminal hydrolase)
212046_x_at	1,4	Mitogen-activated protein kinase 3
203747_at	1,4	Aquaporin 3
214545_s_at	1,4	Proline synthetase co-transcribed (bacterial homolog)
209915_s_at	1,4	Neurexin 1

ID	cf	Gen
204408_at	1,4	Apurinic/apyrimidinic endonuclease(APEX nuclease)-like 2 protein
208614_s_at	1,4	Filamin B, beta (actin-binding protein-278)
208614_s_at	1,4	Filamin B, beta (actin-binding protein-278)
200684_s_at	1,4	Ubiquitin-conjugating enzyme E2L 3
211159_s_at	1,4	Protein phosphatase 2, regulatory subunit B (B56), delta isoform
218825_at	1,4	NEU1 protein
221081_s_at	1,4	Hypothetical protein FLJ22457
201380_at	1,4	Cartilage associated protein
213876_x_at	1,4	xd20f04.x1 NCI_CGAP_Ov23 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2594335 3' similar to SW:U2R2_HUMAN Q15696 U2 SMALL NUCLEAR RIBONUCLEOPROTEIN AUXILIARY FACTOR 35 KD SUBUNIT RELATED-PROTEIN 2. ;contains element TAR1 repetitive element ;, mRNA sequence.
205033_s_at	1,4	Defensin, alpha 1, myeloid-related sequence
210609_s_at	1,4	Quinone oxidoreductase homolog
215260_s_at	1,4	Transcription factor 3 (E2A immunoglobulin enhancer binding factors E12/E47)
204852_s_at	1,4	Protein tyrosine phosphatase, non-receptor type 7
219884_at	1,4	LIM homeobox protein 6
209398_at	1,4	H1 histone family, member 2
206460_at	1,4	Hypothetical protein
204610_s_at	1,4	Hepatitis delta antigen-interacting protein A
213553_x_at	1,4	zd80c07.s1 Soares_fetal_heart_NbHH19W Homo sapiens cDNA clone IMAGE:346956 3' similar to gb:X00570 APOLIPOPROTEIN C-I PRECURSOR (HUMAN);, mRNA sequence.
207840_at	1,4	Natural killer cell receptor, immunoglobulin superfamily member
213468_at	1,4	tn06b07.x1 NCI_CGAP_Brn25 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2166805 3' similar to gb:X52221_rna1 DNA-REPAIR PROTEIN COMPLEMENTING XP-D CELLS (HUMAN);, mRNA sequence.
202453_s_at	1,4	General transcription factor IIIH, polypeptide 1 (62kD subunit)
221306_at	1,4	G protein-coupled receptor 27
209656_s_at	1,4	Brain cell membrane protein 1
205284_at	1,4	KIAA0133 gene product
203641_s_at	1,4	7g49h05.x1 NCI_CGAP_Pr28 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3309849 3' similar to TR:Q9UG88 Q9UG88 HYPOTHETICAL 38.6 KD PROTEIN ;, mRNA sequence.
212497_at	1,4	SEE ALSO
203238_s_at	1,4	Notch (Drosophila) homolog 3
210183_x_at	1,4	Pinin, desmosome associated protein
207133_x_at	1,4	Hypothetical protein FLJ22670
203915_at	1,4	Monokine induced by gamma interferon
212050_at	1,4	SEE ALSO
213221_s_at	1,4	KIAA0781 protein
206436_at	1,4	Chromosome 22 open reading frame 1
217158_at	1,4	H.sapiens EP4 prostaglandin receptor pseudogene c16/g7.
200664_s_at	1,4	Consensus includes gb:BG537255 /FEA=EST /DB_XREF=gi:13529117 /DB_XREF=est:602565318F1 /CLONE=IMAGE:4689748 /UG=Hs.82646 DnaJ (Hsp40) homolog, subfamily B, member 1 /FL=gb:BC002352.1 gb:NM_006145.1 gb:D49547.1
220306_at	1,4	Hypothetical protein FLJ20202
219197_s_at	1,4	te95c06.x1 NCI_CGAP_Pr28 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2094442 3', mRNA sequence.
216863_s_at	1,4	KIAA0852 protein
205462_s_at	1,4	Hippocalcin-like 1
206807_s_at	1,4	Adducin 2 (beta)
206807_s_at	1,4	Adducin 2 (beta)
209518_at	1,4	wl51d03.x1 NCI_CGAP_Brn25 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2428421 3' similar to TR:Q92924 Q92924 SWI/SNF COMPLEX 60 KDA SUBUNIT. ;, mRNA sequence.
204189_at	1,4	Retinoic acid receptor, gamma
218787_x_at	1,4	Hypothetical protein FLJ10998
200894_s_at	1,4	of91h10.s1 NCI_CGAP_Li5 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1437763 3' similar to gb:M88279 P59 PROTEIN (HUMAN);, mRNA sequence.
219186_at	1,4	Hypothetical protein DKFZp547O146
204633_s_at	1,4	Ribosomal protein S6 kinase, 90kD, polypeptide 5
219594_at	1,4	Ninjurin 2
203187_at	1,4	Dedicator of cyto-kinesis 1
219014_at	1,4	Hypothetical protein
213464_at	1,4	AV705938 ADB Homo sapiens cDNA clone ADBAIC03 5', mRNA sequence.
205960_at	1,4	Pyruvate dehydrogenase kinase, isoenzyme 4
212013_at	1,4	Melanoma associated gene
204688_at	1,4	Sarcoglycan, epsilon
220542_s_at	1,4	LUNX protein; PLUNC (palate lung and nasal epithelium clone); tracheal epithelium enriched protein
211210_x_at	1,4	SH2 domain protein 1A, Duncan's disease (lymphoproliferative syndrome)
200649_at	1,4	Nucleobindin 1
221165_s_at	1,4	Interleukin 22
213058_at	1,4	Consensus includes gb:AL033538 /DEF=Human DNA sequence from clone RP3-477H23 on chromosome 22q12.1-12.2 Contains parts of one or two novel genes, ESTs, STSs and GSSs /FEA=mRNA /DB_XREF=gi:4165236 /UG=Hs.11390 KIAA1043 protein
203733_at	1,4	MYLE protein
204332_s_at	1,4	Aspartylglucosaminidase
213445_at	1,4	KIAA0150 protein
217974_at	1,4	Seven transmembrane protein TM7SF3
219218_at	1,4	Hypothetical protein FLJ23058
203402_at	1,4	AI.520102 LTI_NFL004_NBC2 Homo sapiens cDNA clone CS0DB005YO14 3 prime, mRNA sequence.
212257_s_at	1,4	xf34c02.x1 NCI_CGAP_Brn50 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2619938 3' similar to SW:SN22_HUMAN P51531

ID	cf	Gen
		POSSIBLE GLOBAL TRANSCRIPTION ACTIVATOR SNF2L2 ;, mRNA sequence.
220319_s_at	1,4	Myosin regulatory light chain interacting protein
206118_at	1,4	Signal transducer and activator of transcription 4
202054_s_at	1,4	Aldehyde dehydrogenase 3 family, member A2
219028_at	1,4	Homeodomain-interacting protein kinase 2
201043_s_at	1,4	Putative human HLA class II associated protein I
202149_at	1,4	match: proteins: Tr:Q61140 Tr:Q63766 Tr:O35177 Tr:Q14511 Tr:Q9YHC0; Human DNA sequence from clone RP4-76112 on chromosome 6 Contains 3' part of the gene for enhancer of filamentation (HEF1), ESTs, STSs and CpG islands, complete sequence.
202337_at	1,4	Polyamine-modulated factor 1
210337_s_at	1,4	ATP citrate lyase
213512_at	1,4	7172c05.x1 Soares_NSF_F8_9W_OT_PA_P_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3527024 3', mRNA sequence.
210305_at	1,4	Similar to rat myomegalin
210305_at	1,4	Similar to rat myomegalin
202818_s_at	1,4	tc02c08.x1 NCI_CGAP_Co16 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2062670 3' similar to TR:Q14241 Q14241 ELONGIN A. ;, mRNA sequence.
40093_at	1,4	H.sapiens LU gene for Lutheran blood group glycoprotein.
210142_x_at	1,4	Flotillin 1
213701_at	1,4	xs48d07.x1 NCI_CGAP_Kid11 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2772877 3', mRNA sequence.
204132_s_at	1,4	Forkhead box O3A
203857_s_at	1,4	For protein disulfide isomerase-related
217107_at	1,4	dj179E13.1 (RPS4 (40S Ribosomal protein S4) pseudogene); match proteins: Sw:P12750 Sw:P47961 Sw:P47836 Tr:O62739 Tr:O62738 Sw:P22090 Sw:P55832 Sw:P79103 Sw:P41042 Sw:P46300 Sw:O59950 Sw:P87158 Tr:O22453 Sw:O22424 Tr:O82727 Sw:P46299 Tr:O62594 Sw:P51405; m
213003_s_at	1,4	AV655640 GLC Homo sapiens cDNA clone GLCEIH09 3', mRNA sequence.
201164_s_at	1,4	602517152F1 NIH_MGC_16 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4648765 5', mRNA sequence.
203391_at	1,4	FK506-binding protein 2 (13kD)
217390_x_at	1,4	Homo sapiens partial IGVH3 gene for immunoglobulin heavy chain V region, case 1, clone 16.
207578_s_at	1,4	5-hydroxytryptamine (serotonin) receptor 4
203456_at	1,4	JM4 protein
220033_at	1,4	Hypothetical protein FLJ21031
221980_at	1,4	Extracellular glycoprotein EMILIN-2 precursor
207698_at	1,4	HGC6.2 protein
216105_x_at	1,4	Protein phosphatase 2A, regulatory subunit B' (PR 53)
215561_s_at	1,4	SEE ALSO
202073_at	1,4	AV757675 BM Homo sapiens cDNA clone BMFAVB12 5', mRNA sequence.
217943_s_at	1,4	Hypothetical protein FLJ10350
205891_at	1,4	Adenosine A2b receptor
202495_at	1,4	Tubulin-specific chaperone c
203122_at	1,4	CGI-87 protein
203122_at	1,4	CGI-87 protein
213756_s_at	1,4	tg11a08.x1 NCI_CGAP_CLL1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2108438 3' similar to gb:M64673 HEAT SHOCK FACTOR PROTEIN 1 (HUMAN);, mRNA sequence.
213104_at	1,4	BAI1-associated protein 3
209359_x_at	1,4	Runt-related transcription factor 1 (acute myeloid leukemia 1; aml1 oncogene)
204443_at	1,4	gb:NM_000487.3 /DEF=Homo sapiens arylsulfatase A (ARSA), mRNA. /FEA=mRNA /GEN=ARSA /PROD=arylsulfatase A precursor /DB_XREF=gi:7262293 /UG=Hs.88251 arylsulfatase A /FL=gb:X52151.1 gb:NM_000487.3
210321_at	1,4	Similar to granzyme B (granzyme 2, cytotoxic T-lymphocyte-associated serine esterase 1) (H. sapiens)
205740_s_at	1,4	Hypothetical protein MGC10433
219135_s_at	1,4	A1515916 LTI_NFL011_NBC1 Homo sapiens cDNA clone CS0DA001YH18 3 prime, mRNA sequence.
202185_at	1,4	Procollagen-lysine, 2-oxoglutarate 5-dioxygenase 3
204358_s_at	1,4	Fibronectin leucine rich transmembrane protein 2
218627_at	1,4	Hypothetical protein FLJ11259
220264_s_at	1,4	KIAA1624 protein
221959_at	1,4	SEE ALSO
203637_s_at	1,4	Midline 1 (Opitz/BBB syndrome)
217918_at	1,4	HSPC162 protein
207193_at	1,4	Agouti (mouse) related protein
207193_at	1,4	Agouti (mouse) related protein
209356_x_at	1,4	EGF-containing fibulin-like extracellular matrix protein 2
202407_s_at	1,4	602013660F1 NCI_CGAP_Brn64 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4149542 5', mRNA sequence.
204683_at	1,4	Intercellular adhesion molecule 2
214933_at	1,4	ah81b03.s1 Soares_testis_NHT Homo sapiens cDNA clone 1321997 3' similar to TR:Q99793 Q99793 ALPHA1A-VOLTAGE-DEPENDENT CALCIUM CHANNEL ;, mRNA sequence.
215811_at	1,4	SEE ALSO
201927_s_at	1,4	Plakophilin 4
221487_s_at	1,4	Endosulfine alpha
212863_x_at	1,4	602034795F1 NCI_CGAP_Brn64 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4182742 5', mRNA sequence.
204632_at	1,4	Ribosomal protein S6 kinase, 90kD, polypeptide 4
211941_s_at	1,4	602142728F1 NIH_MGC_46 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4303902 5', mRNA sequence.
207012_at	1,4	Matrix metalloproteinase 16 (membrane-inserted)
207012_at	1,4	Matrix metalloproteinase 16 (membrane-inserted)
200990_at	1,4	Tripartite motif-containing 28
208048_at	1,4	Tachykinin receptor 1
203452_at	1,4	Beta-1,3-glucuronosyltransferase 3 (glucuronosyltransferase I)
200604_s_at	1,4	Protein kinase, cAMP-dependent, regulatory, type I, alpha (tissue specific extinguisher 1)

ID	cf	Gen
208033_s_at	1,4	AT-binding transcription factor 1
208033_s_at	1,4	AT-binding transcription factor 1
211851_x_at	1,4	Breast cancer 1, early onset
221732_at	1,4	SEE ALSO
215116_s_at	1,4	Dynamin 1
207829_s_at	1,4	BCL2/adenovirus E1B 19kD-interacting protein 1
220266_s_at	1,4	Kruppel-like factor 4 (gut)
200714_x_at	1,4	Amplified in osteosarcoma
203515_s_at	1,4	Phosphomevalonate kinase
202867_s_at	1,4	DnaJ (Hsp40) homolog, subfamily B, member 12
218841_at	1,4	Hypothetical protein MGC5540
202496_at	1,4	Autoantigen
210513_s_at	1,4	Vascular endothelial growth factor
221889_at	1,4	wv14a04.x1 NCL CGAP_Brn23 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2529486 3', mRNA sequence.
217948_at	1,4	DKFZP564B147 protein
212719_at	1,4	SCN Circadian Oscillatory Protein (SCOP)
210220_at	1,4	Frizzled (Drosophila) homolog 2
213618_at	1,4	Centaurin, delta 1
219653_at	1,4	FT005 protein
221246_x_at	1,4	Tensin
202944_at	1,4	N-acetylgalactosaminidase, alpha-
205413_at	1,4	Chromosome 11 open reading frame 8
207794_at	1,4	Chemokine (C-C motif) receptor 2
213107_at	1,4	yx78a01.s1 Soares melanocyte 2NbHM Homo sapiens cDNA clone IMAGE:267816 3', mRNA sequence.
202201_at	1,4	Biliverdin reductase B (flavin reductase (NADPH))
201008_s_at	1,4	Thioredoxin interacting protein
215537_x_at	1,4	Consensus includes gb:AJ012008 /DEF=Homo sapiens genes encoding RNCC protein, DDAH protein, Ly6-C protein, Ly6-D protein and immunoglobulin receptor /FEA=mRNA_4 /DB_XREF=gi:5304874 /UG=Hs.247362 dimethylarginine dimethylaminohydrolase 2
205436_s_at	1,4	H2A histone family, member X
208790_s_at	1,4	Polymerase I and transcript release factor
211966_at	1,4	Collagen, type IV, alpha 2
200981_x_at	1,4	Neuroendocrine secretory protein 55
217520_x_at	1,4	602459468F1 NIH_MGC_16 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4581928 5', mRNA sequence.
220617_s_at	1,4	Hypothetical protein FLJ10697
212415_at	1,4	Septin 6
213476_x_at	1,4	AL565749 LTI_FL013_FBrn1 Homo sapiens cDNA clone CS0DF007YJ03 3 prime, mRNA sequence.
33814_at	1,4	PAK1-related kinase; Homo sapiens serine/threonine kinase mRNA, complete cds.
204216_s_at	1,4	Hypothetical protein FLJ11806
219261_at	1,4	Hypothetical protein MGC2718
205602_x_at	1,4	Pregnancy specific beta-1-glycoprotein 7
205509_at	1,4	Carboxypeptidase B1 (tissue)
200825_s_at	1,4	Oxygen regulated protein (150kD)
206351_s_at	1,4	Peroxisome biogenesis factor 10
218632_at	1,4	Hypothetical protein FLJ21156
210361_s_at	1,4	E74-like factor 2 (ets domain transcription factor)
211135_x_at	1,4	Leukocyte immunoglobulin-like receptor, subfamily B (with TM and ITIM domains), member 3
222221_x_at	1,4	EH-domain containing 1
207172_s_at	1,4	Cadherin 11, type 2, OB-cadherin (osteoblast)
203289_s_at	1,4	601585959F1 NIH_MGC_7 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3940215 5', mRNA sequence.
219168_s_at	1,4	Rho GTPase activating protein 8
206747_at	1,4	KIAA0514 gene product
206747_at	1,4	KIAA0514 gene product
213436_at	1,4	G protein-coupled receptor; Human CB1 cannabinoid receptor (CNR1) gene, complete cds.
202750_s_at	1,4	Tuftelin-interacting protein
34225_at	1,4	Homo sapiens Wolf-Hirschhorn syndrome candidate 2 protein (WHSC2) mRNA, complete cds.
210778_s_at	1,4	Mad4 homolog
219666_at	1,4	Membrane-spanning 4-domains, subfamily A, member 6A
219239_s_at	1,4	Hypothetical protein FLJ10997
204388_s_at	1,4	Monoamine oxidase A
205348_s_at	1,4	Dynein, cytoplasmic, intermediate polypeptide 1
34868_at	1,4	Homo sapiens mRNA for KIAA1089 protein, partial cds.
214110_s_at	1,4	7n15a07.x1 NCL CGAP_Brn23 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3564565 3' similar to TR:Q16003 Q16003 LYMPHOCYTE-SPECIFIC PROTEIN 1 ;, mRNA sequence.
201156_s_at	1,4	RAB5C, member RAS oncogene family
201557_at	1,4	Vesicle-associated membrane protein 2 (synaptobrevin 2)
205010_at	1,4	Hypothetical protein
213490_s_at	1,4	wi04d12.x1 NCL CGAP_CLL1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2389271 3' similar to gb:L11285 DUAL SPECIFICITY MITOGEN-ACTIVATED PROTEIN KINASE KINASE 2 (HUMAN);, mRNA sequence.
201040_at	1,4	Guanine nucleotide binding protein (G protein), alpha inhibiting activity polypeptide 2
205099_s_at	1,4	Chemokine (C-C motif) receptor 1
220122_at	1,4	Hypothetical protein FLJ22344
218795_at	1,4	LPAP for lysophosphatidic acid phosphatase
208806_at	1,4	601238148F1 NIH_MGC_44 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3610234 5', mRNA sequence.
215633_x_at	1,4	AV713720 DCB Homo sapiens cDNA clone DCBBJA12 5', mRNA sequence.
219572_at	1,4	Hypothetical protein FLJ20761

ID	cf	Gen
213509_x_at	1,4	au85a11.x1 Schneider fetal brain 00004 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2783036 3' similar to TR:Q16859 Q16859 CARBOXYLESTERASE ;contains Alu repetitive element;contains element TAR1 repetitive element ;, mRNA sequence.
221408_x_at	1,4	Protocadherin beta 12
221448_s_at	1,4	Testis expressed sequence 15
219406_at	1,4	Hypothetical protein MGC955
214354_x_at	1,4	ye20c02.s1 Stratagene lung (#937210) Homo sapiens cDNA clone IMAGE:118274 3', mRNA sequence.
203003_at	1,4	AL530331 LTI_NFL001_NBC4 Homo sapiens cDNA clone CS0DD007YM06 3' prime, mRNA sequence.
206261_at	1,4	Zinc finger protein 239
210975_x_at	1,3	FAST kinase
215925_s_at	1,3	CD72 antigen
206100_at	1,3	Carboxypeptidase M
209253_at	1,3	Vinexin beta (SH3-containing adaptor molecule-1)
206608_s_at	1,3	Retinitis pigmentosa GTPase regulator interacting protein 1
206608_s_at	1,3	Retinitis pigmentosa GTPase regulator interacting protein 1
213095_x_at	1,3	Allograft inflammatory factor 1
219382_at	1,3	RPA-binding trans-activator
221769_at	1,3	AL571723 LTI_NFL006_PL2 Homo sapiens cDNA clone CS0DI031YD10 3' prime, mRNA sequence.
218526_s_at	1,3	Homolog of yeast MOG1
210629_x_at	1,3	Lymphocyte antigen 117
39835_at	1,3	similar to myotubularin but catalytically inactive; Homo sapiens nuclear dual-specificity phosphatase (SBF1) mRNA, partial cds.
211919_s_at	1,3	Chemokine (C-X-C motif), receptor 4 (fusin)
209360_s_at	1,3	Runt-related transcription factor 1 (acute myeloid leukemia 1; aml1 oncogene)
210718_s_at	1,3	SEE ALSO
203548_s_at	1,3	602152854F1 NIH_MGC_81 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4294021 5', mRNA sequence.
200645_at	1,3	GABA(A) receptor-associated protein
221757_at	1,3	Consensus includes gb:BE042976 /FEA=EST /DB_XREF=gi:8360029 /DB_XREF=est:ho31d03.x1 /CLONE=IMAGE:3038981 /UG=Hs.26670 Human PAC clone RP3-515N1 from 22q11.2-q22
213627_at	1,3	wn57e10.x1 NCI_CGAP_Lu19 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2449578 3' similar to TR:O76058 O76058 DJ14O9.2 ;contains element TAR1 repetitive element ;, mRNA sequence.
213668_s_at	1,3	ws25b11.x1 NCI_CGAP_GC6 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2498205 3' similar to gb:X70683_cds1 SOX-4 PROTEIN (HUMAN);contains element TAR1 repetitive element ;, mRNA sequence.
217755_at	1,3	Hematological and neurological expressed 1
220213_at	1,3	Hypothetical protein OVC10-2
202575_at	1,3	Cellular retinoic acid-binding protein 2
209040_s_at	1,3	Proteasome (prosome, macropain) subunit, beta type, 8 (large multifunctional protease 7)
214767_s_at	1,3	AL551046 LTI_NFL006_PL2 Homo sapiens cDNA clone CS0DI066YN13 5' prime, mRNA sequence.
212960_at	1,3	KIAA0882 protein
222062_at	1,3	wu18b02.x1 NCI_CGAP_GC6 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2517291 3' similar to contains Alu repetitive element;, mRNA sequence.
219268_at	1,3	Hypothetical protein FLJ10761
209271_at	1,3	Fetal Alzheimer antigen
201566_x_at	1,3	Inhibitor of DNA binding 2, dominant negative helix-loop-helix protein
213606_s_at	1,3	tn19h05.x1 NCI_CGAP_Brn25 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2168121 3' similar to SW:GDIR_HUMAN P52565 RHO GDP-DISSOCIATION INHIBITOR 1 ;, mRNA sequence.
219490_s_at	1,3	Hypothetical protein FLJ12810
214950_at	1,3	Homo sapiens interleukin 9 receptor precursor (IL9R) gene, complete cds.
221934_s_at	1,3	nac74d09.x1 NCI_CGAP_Brn23 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3439937 3' similar to TR:Q9VXT0 Q9VXT0 CG8097 PROTEIN. ;, mRNA sequence.
206215_at	1,3	Opioid-binding protein/cell adhesion molecule-like
210622_x_at	1,3	Cyclin-dependent kinase (CDC2-like) 10
205364_at	1,3	Acyl-Coenzyme A oxidase 2, branched chain
212561_at	1,3	EST56429 Infant brain Homo sapiens cDNA 3' end, mRNA sequence.
213126_at	1,3	naf39f08.x1 Soares_NPBMC Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4143495 3', mRNA sequence.
216696_s_at	1,3	hypothetical (partial) protein similar to proline oxidase; Homo sapiens chromosome 19 cosmid F19541, complete sequence.
52078_at	1,3	wk31e09.x1 NCI_CGAP_Brn25 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2413960 3', mRNA sequence.
56821_at	1,3	wt63e03.x1 NCI_CGAP_Pan1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2512156 3', mRNA sequence.
203814_s_at	1,3	NAD(P)H dehydrogenase, quinone 2
208984_x_at	1,3	RNA binding motif protein 10
213714_at	1,3	ox42c02.s1 Soares_total_fetus_Nb2HF8_9w Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1658978 3' similar to gb:S60415 MYASTHENIC SYNDROME ANTIGEN B (HUMAN);, mRNA sequence.
205656_at	1,3	Protocadherin 17
212968_at	1,3	7o43e03.x1 NCI_CGAP_Kid11 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3577036 3', mRNA sequence.
200852_x_at	1,3	Guanine nucleotide binding protein (G protein), beta polypeptide 2
216380_x_at	1,3	ribosomal protein S28; probable pseudogene; similar to P25112 (PID:gi133903); H_GS111G14.1; Homo sapiens BAC clone GS1-111G14 from 7q11, complete sequence.
219779_at	1,3	Likely ortholog of mouse zinc finger homeodomain 4
209959_at	1,3	Nuclear receptor subfamily 4, group A, member 3
218812_s_at	1,3	gb:Nm_025156.1 /DEF=Homo sapiens hypothetical protein FLJ12474 (FLJ12474), mRNA. /FEA=mRNA /GEN=FLJ12474 /PROD=hypothetical protein FLJ12474 /DB_XREF=gi:13376752 /UG=Hs.289053 hypothetical protein FLJ12474 /FL=gb:Nm_025156.1
203547_at	1,3	Consensus includes gb:U47924 /DEF=Human chromosome 12p13 sequence /FEA=mRNA_6 /DB_XREF=gi:1633547 /UG=Hs.17483 CD4 antigen (p55) /FL=gb:Nm_000616.1 gb:M12807.1
201649_at	1,3	Ubiquitin-conjugating enzyme E2L 6
204006_s_at	1,3	Fc fragment of IgG, low affinity IIIb, receptor for (CD16)
202866_at	1,3	DnaJ (Hsp40) homolog, subfamily B, member 12

ID	cf	Gen
200630_x_at	1,3	AV702810 ADB Homo sapiens cDNA clone ADBDGH01 5', mRNA sequence.
206150_at	1,3	Tumor necrosis factor receptor superfamily, member 7
209384_at	1,3	zp34f11.s1 Stratagene muscle 937209 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:611373 3', mRNA sequence.
214097_at	1,3	wv03e06.x1 NCI_CGAP_Kid3 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2528482 3' similar to gb:L04483 40S RIBOSOMAL PROTEIN S21 (HUMAN);, mRNA sequence.
217911_s_at	1,3	BCL2-associated athanogene 3
207824_s_at	1,3	MYC-associated zinc finger protein (purine-binding transcription factor)
215577_at	1,3	AU146791 HEMBB1 Homo sapiens cDNA clone HEMBB1001531 3', mRNA sequence.
207167_at	1,3	Immunoglobulin superfamily, member 2
216109_at	1,3	SEE ALSO
205539_at	1,3	Advillin
206659_at	1,3	Hypothetical protein FLJ14082
203215_s_at	1,3	nr06h10.s1 NCI_CGAP_Co10 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1161091 3' similar to TR:Q29122 Q29122 UNCONVENTIONAL MYOSIN. ;, mRNA sequence.
207270_x_at	1,3	CMRF35 leukocyte immunoglobulin-like receptor
213763_at	1,3	yf53e12.s1 Soares infant brain 1NIB Homo sapiens cDNA clone IMAGE:25731 3', mRNA sequence.
201834_at	1,3	Protein kinase, AMP-activated, beta 1 non-catalytic subunit
209534_x_at	1,3	7q23e12.x1 NCI_CGAP_GC6 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3699190 3' similar to TR:Q9Y5T0 Q9Y5T0 NON-OCOGENIC RHO GTPASE-SPECIFIC GTP EXCHANGE FACTOR. ;, mRNA sequence.
201412_at	1,3	DKFZP564C1940 protein
214919_s_at	1,3	yf50c09.s1 Soares infant brain 1NIB Homo sapiens cDNA clone IMAGE:25528 3', mRNA sequence.
203647_s_at	1,3	Ferredoxin 1
201432_at	1,3	Catalase
218743_at	1,3	Hypothetical protein FLJ11749
217554_at	1,3	AV719355 GLC Homo sapiens cDNA clone GLCEMB06 5', mRNA sequence.
219093_at	1,3	Hypothetical protein FLJ20701
216094_at	1,3	SEE ALSO
218262_at	1,3	Hypothetical protein FLJ22318
210581_x_at	1,3	Zinc finger protein 278
212212_s_at	1,3	DKFZP586J0619 protein
213900_at	1,3	ng32f02.s1 NCI_CGAP_Co3 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:936507 3', mRNA sequence.
218005_at	1,3	ny71d07.s1 NCI_CGAP_GCB1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1283725 3', mRNA sequence.
210166_at	1,3	Toll-like receptor 5
222190_s_at	1,3	Hypothetical protein FLJ13868
214744_s_at	1,3	Consensus includes gb:AK021960.1 /DEF=Homo sapiens cDNA FLJ11898 fis, clone HEMBA1007322. /FEA=mRNA /DB_XREF=gi:10433269 /UG=Hs.313509 Homo sapiens cDNA FLJ11898 fis, clone HEMBA1007322
208713_at	1,3	bx02c06.y1 Human Iris cDNA (Un-normalized, unamplified): BX Homo sapiens cDNA clone bx02c06 5', mRNA sequence.
221410_x_at	1,3	Protocadherin beta 3
210859_x_at	1,3	Ceroid-lipofuscinosis, neuronal 3, juvenile (Batten, Spielmeier-Vogt disease)
204452_s_at	1,3	Frizzled (Drosophila) homolog 1
205270_s_at	1,3	Lymphocyte cytosolic protein 2 (SH2 domain-containing leukocyte protein of 76kD)
219457_s_at	1,3	Hypothetical protein FLJ22439
206087_x_at	1,3	Hemochromatosis
218175_at	1,3	Hypothetical protein FLJ22471
219386_s_at	1,3	BCM-like membrane protein precursor
204795_at	1,3	CAT56 protein
205634_x_at	1,3	Leukocyte receptor cluster (LRC) member 4
201126_s_at	1,3	Mannosyl (alpha-1,3-)-glycoprotein beta-1,2-N-acetylglucosaminyltransferase
216301_at	1,3	UI-HF-BL0-acv-a-05-0-UI.r1 NIH_MGC_37 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3060368 5', mRNA sequence.
221541_at	1,3	Hypothetical protein DKFZp434B044
206491_s_at	1,3	N-ethylmaleimide-sensitive factor attachment protein, alpha
218927_s_at	1,3	Chondroitin 4-O-sulfotransferase 2
213109_at	1,3	yx78a01.s1 Soares melanocyte 2NbHM Homo sapiens cDNA clone IMAGE:267816 3', mRNA sequence.
221223_x_at	1,3	Cytokine inducible SH2-containing protein
209933_s_at	1,3	Leukocyte membrane antigen
214881_s_at	1,3	Upstream binding transcription factor, RNA polymerase I
219632_s_at	1,3	Vanilloid receptor subtype 1
204679_at	1,3	Potassium channel, subfamily K, member 1 (TWIK-1)
222237_s_at	1,3	Consensus includes gb:AC084239 /DEF=Homo sapiens chromosome 19, BAC CTC-512J12 (BC347040), complete sequence /FEA=mRNA_2 /DB_XREF=gi:10864171 /UG=Hs.48589 zinc finger protein 228
220037_s_at	1,3	gb:NM_016164.2 /DEF=Homo sapiens hyaluronic acid receptor (HAR), mRNA. /FEA=mRNA /GEN=HAR /PROD=hyaluronic acid receptor /DB_XREF=gi:10835259 /UG=Hs.278975 hyaluronic acid receptor /FL=gb:AF127670.2 gb:NM_016164.2
211582_x_at	1,3	Lymphocyte antigen 117
207542_s_at	1,3	Aquaporin 1 (channel-forming integral protein, 28kD)
201578_at	1,3	Podocalyxin-like
204482_at	1,3	Claudin 5 (transmembrane protein deleted in velocardiofacial syndrome)
216607_s_at	1,3	Human lanosterol 14-alpha demethylase (CYP51P2) processed pseudogene, complete cds.
216535_at	1,3	Hypothetical protein FLJ10698
218878_s_at	1,3	gb:NM_012238.3 /DEF=Homo sapiens sirtuin (silent mating type information regulation 2, S. cerevisiae, homolog) 1 (SIRT1), mRNA. /FEA=mRNA /GEN=SIRT1 /PROD=sirtuin 1 /DB_XREF=gi:13775598 /UG=Hs.31176 sirtuin (silent mating type information regulation 2, S
204746_s_at	1,3	Protein kinase C, alpha binding protein
212273_x_at	1,3	tw91c03.x1 NCI_CGAP_HN6 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2267044 3' similar to gb:X56009 GUANINE NUCLEOTIDE-BINDING PROTEIN G(S), ALPHA SUBUNIT (HUMAN);, mRNA sequence.
212273_x_at	1,3	tw91c03.x1 NCI_CGAP_HN6 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2267044 3' similar to gb:X56009 GUANINE

ID	cf	Gen
		NUCLEOTIDE-BINDING PROTEIN G(S), ALPHA SUBUNIT (HUMAN);, mRNA sequence.
206288_at	1,3	Protein geranylgeranyltransferase type I, beta subunit
204069_at	1,3	Meis1 (mouse) homolog
205142_x_at	1,3	ATP-binding cassette, sub-family D (ALD), member 1
210317_s_at	1,3	Tyrosine 3-monooxygenase/tryptophan 5-monooxygenase activation protein, epsilon polypeptide
205695_at	1,3	Serine dehydratase
212957_s_at	1,3	AU154785 NT2RP4 Homo sapiens cDNA clone NT2RP4002888 3', mRNA sequence.
207822_at	1,3	Fibroblast growth factor receptor 1 (fms-related tyrosine kinase 2, Pfeiffer syndrome)
207822_at	1,3	Fibroblast growth factor receptor 1 (fms-related tyrosine kinase 2, Pfeiffer syndrome)
219683_at	1,3	Frizzled (Drosophila) homolog 3
218227_at	1,3	Nucleotide binding protein 2 (E.coli MinD like)
218903_s_at	1,3	Hypothetical protein MGC2731
211037_s_at	1,3	Leukocyte receptor cluster (LRC) member 4
222017_x_at	1,3	we56c08.x1 Soares_thymus_NHFT Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2345102 3' similar to TR:O75427 O75427 LEUCIN RICH NEURONAL PROTEIN. ;, mRNA sequence.
208664_s_at	1,3	Tetratricopeptide repeat domain 3
217977_at	1,3	Selenoprotein X, 1
214038_at	1,3	wr88g11.x1 NCI_CGAP_Kid11 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2494820 3' similar to SW:MCP2_HUMAN P80075 MONOCYTE CHEMOTACTIC PROTEIN 2 PRECURSOR ;, mRNA sequence.
204420_at	1,3	602365892F1 NIH_MGC_90 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4474055 5', mRNA sequence.
219103_at	1,3	Hypothetical protein FLJ20199
218675_at	1,3	Organic cation transporter
206094_x_at	1,3	UDP glycosyltransferase 1 family, polypeptide A6
208774_at	1,3	AV700224 GKC Homo sapiens cDNA clone GKCARG01 3', mRNA sequence.
202870_s_at	1,3	CDC20 (cell division cycle 20, S. cerevisiae, homolog)
202796_at	1,3	Synaptopodin
221491_x_at	1,3	oc35c12.s1 NCI_CGAP_GCB1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1351702 3', mRNA sequence.
205200_at	1,3	Tetranectin (plasminogen-binding protein)
201279_s_at	1,3	Disabled (Drosophila) homolog 2 (mitogen-responsive phosphoprotein)
219955_at	1,3	Hypothetical protein
215792_s_at	1,3	Hypothetical protein FLJ10737
203973_s_at	1,3	CCAAT/enhancer binding protein (C/EBP), delta
212323_s_at	1,3	KIAA0453 protein
212323_s_at	1,3	KIAA0453 protein
210038_at	1,3	Consensus includes gb:AL137145 /DEF=Human DNA sequence from clone RP11-563J2 on chromosome 10 Contains ESTs, STSs, GSSs and a CpG island. Contains a novel pseudogene and the 3 part of the PRKCQ gene for protein kinase C theta /FEA=mRNA /DB_XREF=gi:9581557
212230_at	1,3	AL576654 LTI_NFL006_PL2 Homo sapiens cDNA clone CS0DI080YN02 3 prime, mRNA sequence.
204070_at	1,3	Retinoic acid receptor responder (tazarotene induced) 3
209122_at	1,3	Adipose differentiation-related protein
209122_at	1,3	Adipose differentiation-related protein
210641_at	1,3	Calpain 9 (nCL-4)
203144_s_at	1,3	KIAA0040 gene product
204912_at	1,3	Interleukin 10 receptor, alpha
205322_s_at	1,3	xj41g06.x1 Soares_NFL_T_GBC_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2659834 3' similar to SW:MTF1_MOUSE Q07243 TRANSCRIPTION FACTOR MTF-1 ;, mRNA sequence.
207687_at	1,3	Inhibin, beta C
211820_x_at	1,3	Glycophorin A (includes MN blood group)
202292_x_at	1,3	Lysophospholipase II
209123_at	1,3	Quinoid dihydropteridine reductase
218475_at	1,3	HpaII tiny fragments locus 9C
212062_at	1,3	ATPase, Class II, type 9A
218838_s_at	1,3	Hypothetical protein FLJ12788
208436_s_at	1,3	Interferon regulatory factor 7
205536_at	1,3	Vav 2 oncogene
200988_s_at	1,3	Proteasome (prosome, macropain) activator subunit 3 (PA28 gamma; Ki)
216071_x_at	1,3	intelligence reducing insertion protein INGRIN; Homo sapiens OPA-containing protein (HOPA) gene, complete cds.
204505_s_at	1,3	Erythrocyte membrane protein band 4.9 (dematin)
203632_s_at	1,3	G protein-coupled receptor, family C, group 5, member B
37796_at	1,3	Cluster Incl. AF053356:Homo sapiens chromosome 7q22 sequence /cds=(0,2498) /gb=AF053356 /gi=3135305 /ug=Hs.125742 /len=2836
43544_at	1,3	EST186313 Colon carcinoma (HCC) cell line II Homo sapiens cDNA 5' end, mRNA sequence.
204524_at	1,3	3-phosphoinositide dependent protein kinase-1
220659_s_at	1,3	Hypothetical protein FLJ10925
214613_at	1,3	wu62c05.x1 NCI_CGAP_GC6 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2524616 3', mRNA sequence.
219657_s_at	1,3	Kruppel-like factor 3 (basic)
205488_at	1,3	Granzyme A (granzyme 1, cytotoxic T-lymphocyte-associated serine esterase 3)
204321_at	1,3	Neogenin (chicken) homolog 1
201430_s_at	1,3	zd64g05.s1 Soares_fetal_heart_NbHH19W Homo sapiens cDNA clone IMAGE:345464 3', mRNA sequence.
201430_s_at	1,3	zd64g05.s1 Soares_fetal_heart_NbHH19W Homo sapiens cDNA clone IMAGE:345464 3', mRNA sequence.
211330_s_at	1,3	Hemochromatosis
213773_x_at	1,3	2820950.3prime NIH_MGC_7 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2820950 3', mRNA sequence.
202509_s_at	1,3	td16e10.x1 NCI_CGAP_Co16 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2075850 3' similar to gb:M92357 B94 PROTEIN (HUMAN);contains element MSR1 repetitive element ;, mRNA sequence.
202509_s_at	1,3	td16e10.x1 NCI_CGAP_Co16 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2075850 3' similar to gb:M92357 B94 PROTEIN (HUMAN);contains element MSR1 repetitive element ;, mRNA sequence.

ID	cf	Gen
214780_s_at	1,3	Myosin IXB
211012_s_at	1,3	Promyelocytic leukemia
217449_at	1,3	SEE ALSO
212104_s_at	1,3	Consensus includes gb:N95026 /FEA=EST /DB_XREF=gi:1267308 /DB_XREF=est:zb45d12.s1 /CLONE=IMAGE:306551 /UG=Hs.5011 RNA binding motif protein 9
206327_s_at	1,3	Cadherin 15, M-cadherin (myotubule)
205707_at	1,3	Interleukin 17 receptor
214529_at	1,3	Thyroid stimulating hormone, beta
218273_s_at	1,3	Pyruvate dehydrogenase phosphatase
200666_s_at	1,3	DnaJ (Hsp40) homolog, subfamily B, member 1
209897_s_at	1,3	Slit (Drosophila) homolog 2
203104_at	1,3	Colony stimulating factor 1 receptor, formerly McDonough feline sarcoma viral (v-fms) oncogene homolog
220995_at	1,3	HSPC156 protein
35201_at	1,3	L protein (AA 1-558); Human mRNA for novel heterogeneous nuclear RNP protein, L protein.
205051_s_at	1,3	V-kit Hardy-Zuckerman 4 feline sarcoma viral oncogene homolog
205136_s_at	1,3	Nuclear fragile X mental retardation protein interacting protein 1
202030_at	1,3	Branched chain alpha-ketoacid dehydrogenase kinase
215364_s_at	1,3	KIAA0467 protein
202389_s_at	1,3	Huntingtin (Huntington disease)
203813_s_at	1,3	Slit (Drosophila) homolog 3
200935_at	1,3	Calreticulin
48030_i_at	1,3	yv05a04.s1 Soares fetal liver spleen 1NFLS Homo sapiens cDNA clone IMAGE:241806 3', mRNA sequence.
209858_x_at	1,3	SEE ALSO
203047_at	1,3	Serine/threonine kinase 10
217757_at	1,3	gb:NM_000014.3 /DEF=Homo sapiens alpha-2-macroglobulin (A2M), mRNA. /FEA=mRNA /GEN=A2M /PROD=alpha 2 macroglobulin precursor /DB_XREF=gi:6226959 /UG=Hs.74561 alpha-2-macroglobulin /FL=gb:M11313.1 gb:NM_000014.3
218328_at	1,3	CGI-92 protein
202838_at	1,3	Fucosidase, alpha-L- 1, tissue
208914_at	1,3	Golgi-associated, gamma-adaptin ear containing, ARF-binding protein 2
204580_at	1,3	Matrix metalloproteinase 12 (macrophage elastase)
201191_at	1,3	ym27b09.s1 Soares infant brain 1NIB Homo sapiens cDNA clone IMAGE:49287 3', mRNA sequence.
52255_s_at	1,3	wz57c09.x1 NCI_CGAP_Lu27 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2562160 3', mRNA sequence.
212288_at	1,3	Formin-binding protein 17
217508_s_at	1,3	601470835F1 NIH_MGC_67 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3873801 5', mRNA sequence.
203443_at	1,3	zv18e01.s1 Soares_NhHMPu_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:754008 3' similar to TR:G602424 G602424 77 KD ECHINODERM MICROTUBULE-ASSOCIATED PROTEIN. ;, mRNA sequence.
214119_s_at	1,3	wp69c11.x1 NCI_CGAP_Brn25 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2467028 3' similar to gb:M34539 FK506-BINDING PROTEIN (HUMAN);, mRNA sequence.
218551_at	1,3	Hypothetical protein FLJ12438
208979_at	1,3	Nuclear receptor coactivator RAP250; peroxisome proliferator-activated receptor interacting protein; thyroid hormone receptor binding protein
207143_at	1,3	Cyclin-dependent kinase 6
213757_at	1,3	602067933F1 NIH_MGC_58 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4066833 5', mRNA sequence.
213661_at	1,3	wb14d04.x1 NCI_CGAP_GC6 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2305639 3', mRNA sequence.
203046_s_at	1,3	Timeless (Drosophila) homolog
203355_s_at	1,3	KIAA0942 protein
205551_at	1,3	Synaptic vesicle protein 2B homolog
211823_s_at	1,3	Paxillin
205882_x_at	1,3	wk60e04.x1 NCI_CGAP_Pan1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2419806 3' similar to TR:O43243 O43243 ADDUCIN-LIKE PROTEIN. ;, mRNA sequence.
221861_at	1,3	SEE ALSO
201500_s_at	1,3	Protein phosphatase 1, regulatory (inhibitor) subunit 11
213005_s_at	1,3	KIAA0172 protein
216949_s_at	1,3	Homo sapiens polycystic kidney disease-associated protein (PKD1) gene, complete cds.
213894_at	1,3	7p46g06.x1 NCI_CGAP_Pr28 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3648970 3', mRNA sequence.
216029_at	1,3	AU159412 THYRO1 Homo sapiens cDNA clone THYRO1001602 3', mRNA sequence.
214511_x_at	1,3	Fc fragment of IgG, high affinity Ia, receptor for (CD64)
212826_s_at	1,3	wt15b11.x1 NCI_CGAP_Ut1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2507517 3' similar to gb:J03592 ADP,ATP CARRIER PROTEIN, LIVER ISOFORM T2 (HUMAN);, mRNA sequence.
220813_at	1,3	Cysteinyl leukotriene CysLT2 receptor; cDNA: PSEC0146 from clone PLACE1006979
206978_at	1,3	Chemokine (C-C motif) receptor 2
202580_x_at	1,3	Forkhead box M1
204131_s_at	1,3	yx83c03.s1 Soares melanocyte 2NbHM Homo sapiens cDNA clone IMAGE:268324 3', mRNA sequence.
201208_s_at	1,3	Tumor necrosis factor, alpha-induced protein 1 (endothelial)
205726_at	1,3	Diaphanous (Drosophila, homolog) 2
214564_s_at	1,3	Protocadherin gamma subfamily C, 3
205214_at	1,3	Serine/threonine kinase 17b (apoptosis-inducing)
204526_s_at	1,3	Vascular Rab-GAP/TBC-containing
209568_s_at	1,3	RalGDS-like gene
217854_s_at	1,3	Polymerase (RNA) II (DNA directed) polypeptide E (25kD)
217672_x_at	1,3	7i88e12.x1 NCI_CGAP_Ov18 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3341806 3', mRNA sequence.
217807_s_at	1,3	Glioma tumor suppressor candidate region gene 2
219401_at	1,3	Xylosyltransferase II
218064_s_at	1,3	Neighbor of A-kinase anchoring protein 95
209834_at	1,3	Carbohydrate (chondroitin 6/keratan) sulfotransferase 3

ID	cf	Gen
217930_s_at	1,3	Toll-interacting protein
204454_at	1,3	Leucine zipper, down-regulated in cancer 1
208829_at	1,3	TAP binding protein (tapasin)
216476_at	1,3	Consensus includes gb:AL353580 /DEF=Human DNA sequence from clone RP11-248N6 on chromosome 13 Contains ESTs, STSs and GSSs. Contains two olfactory receptor pseudogenes, an NPM1 (nucleophosmin, nucleolar phosphoprotein B23, numatrin) pseudogene and a BCR (
221744_at	1,3	SEE ALSO
218420_s_at	1,3	Hypothetical protein FLJ12661
212951_at	1,3	KIAA0758 protein
202157_s_at	1,3	CUG triplet repeat, RNA-binding protein 2
212146_at	1,3	KIAA0842 protein
40562_at	1,3	Human guanine nucleotide-binding regulatory protein (G-y-alpha) mRNA, complete cds.
40562_at	1,3	Human guanine nucleotide-binding regulatory protein (G-y-alpha) mRNA, complete cds.
219675_s_at	1,3	Hypothetical protein FLJ23591
219801_at	1,3	Hypothetical protein MGC10520
212972_x_at	1,3	7n64b08.x1 NCI_CGAP_Lu24 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3569246 3', mRNA sequence.
201499_s_at	1,3	Ubiquitin specific protease 7 (herpes virus-associated)
205389_s_at	1,3	tu25e07.x1 NCI_CGAP_Pr28 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2252100 3', mRNA sequence.
221880_s_at	1,3	qm26h04.x1 NCI_CGAP_Lu5 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1882999 3', mRNA sequence.
206673_at	1,3	Putative G protein coupled receptor
206673_at	1,3	Putative G protein coupled receptor
208352_x_at	1,3	Ankyrin 1, erythrocytic
219883_at	1,3	Potassium inwardly-rectifying channel, subfamily K, member 4
221555_x_at	1,3	AU145941 HEMBA1 Homo sapiens cDNA clone HEMBA1006337 3', mRNA sequence.
219656_at	1,3	Protocadherin 12
222269_at	1,3	zh67b09.s1 Soares_fetal_liver_spleen_1NFLS_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:417113 3', mRNA sequence.
211355_x_at	1,3	Leptin receptor
209137_s_at	1,3	Ubiquitin specific protease 10
212808_at	1,3	zl06a03.s1 Soares_pregnant_uterus_NbHPU Homo sapiens cDNA clone IMAGE:491500 3', mRNA sequence.
218676_s_at	1,3	Phosphatidylcholine transfer protein
216048_s_at	1,3	KIAA0878 protein
217787_s_at	1,3	AL525086 LTI_NFL003_NBC3 Homo sapiens cDNA clone CS0DC005YC04 3 prime, mRNA sequence.
219323_s_at	1,3	Interleukin 18 binding protein
207641_at	1,3	Transmembrane activator and CAML interactor
211641_x_at	1,3	gb:L06101.1 /DEF=Human IG VH-region gene, complete cds. /FEA=mRNA /GEN=IGH@ /PROD=immunoglobulin heavy chain V-region /DB_XREF=gi:185526 /FL=gb:L06101.1
213829_x_at	1,3	Tumor necrosis factor receptor superfamily, member 6b, decoy
203149_at	1,3	Poliovirus receptor-related 2 (herpesvirus entry mediator B)
35617_at	1,3	Human BMK1 alpha kinase mRNA, complete cds.
207704_s_at	1,3	Growth arrest-specific 7
206214_at	1,3	Phospholipase A2, group VII (platelet-activating factor acetylhydrolase, plasma)
215147_at	1,3	SEE ALSO
209436_at	1,3	Spondin 1, (f-spondin) extracellular matrix protein
214924_s_at	1,3	KIAA1042 protein
207163_s_at	1,3	V-akt murine thymoma viral oncogene homolog 1
207163_s_at	1,3	V-akt murine thymoma viral oncogene homolog 1
207163_s_at	1,3	V-akt murine thymoma viral oncogene homolog 1
204967_at	1,3	Apical protein, Xenopus laevis-like
215193_x_at	1,3	Major histocompatibility complex, class II, DR beta 5
204681_s_at	1,3	Guanine nucleotide exchange factor for Rap1; M-Ras-regulated GEF
208639_x_at	1,3	Protein disulfide isomerase-related protein
201411_s_at	1,3	Hypothetical protein FLJ20783
221927_s_at	1,3	wn85h04.x1 NCI_CGAP_Ut1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2452663 3' similar to WP:R05D7.4 CE18906 ALPHA/BETA HYDROLASE FOLD ;contains Alu repetitive element; mRNA sequence.
206369_s_at	1,3	Phosphoinositide-3-kinase, catalytic, gamma polypeptide

ID: Affymetrix-Identität. cf: change fold.

Tabelle 59: Aufregulierte Gene im Rezidiv vs. Riesenzellprimärtumor (n=1.736).

ID	cf	Gen
209728_at	12,7	Major histocompatibility complex, class II, DR beta 4
203290_at	7,6	Major histocompatibility complex, class II, DQ alpha 1
206785_s_at	5,5	Killer cell lectin-like receptor subfamily C, member 2
206785_s_at	5,5	Killer cell lectin-like receptor subfamily C, member 2
209942_x_at	5,4	Melanoma antigen, family A, 3
202286_s_at	5,3	GA733-1 protein precursor; Human gastrointestinal tumor-associated antigen GA733-1 protein gene, complete cds, clone 05516.
203240_at	5,2	Fc fragment of IgG binding protein
204712_at	4,9	Wnt inhibitory factor-1
217414_x_at	3,8	Human alpha-globin gene with flanks.

ID	cf	Gen
205923_at	3,6	Reelin
209116_x_at	3,6	Hemoglobin, beta
215382_x_at	3,3	Tryptase beta 1
213506_at	3,2	601659282R1 NIH_MGC_70 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3895653 3', mRNA sequence.
214247_s_at	3,2	AU148057 MAMMA1 Homo sapiens cDNA clone MAMMA1002489 3', mRNA sequence.
202437_s_at	3,1	Cytochrome P450, subfamily I (dioxin-inducible), polypeptide 1 (glaucoma 3, primary infantile)
205523_at	3,1	Cartilage linking protein 1
208906_at	3,0	Hypothetical protein MGC4694
214981_at	3,0	UI-H-BI1-acq-a-04-0-UI.s1 NCI_CGAP_Sub3 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2715150 3', mRNA sequence.
209496_at	2,9	Retinoic acid receptor responder (tazarotene induced) 2
214612_x_at	2,9	Human MAGE-6 antigen (MAGE6) gene, complete cds.
214414_x_at	2,9	yb30b11.s1 Stratagene fetal spleen (#937205) Homo sapiens cDNA clone IMAGE:72669 3' similar to similar to gb:V00493_rna1 HEMOGLOBIN ALPHA CHAIN (HUMAN), mRNA sequence.
205683_x_at	2,9	Tryptase beta 1
210084_x_at	2,8	Tryptase, alpha
217428_s_at	2,8	H.sapiens type X collagen gene.
211696_x_at	2,8	Hemoglobin, beta
211696_x_at	2,8	Hemoglobin, beta
202196_s_at	2,7	Dickkopf (Xenopus laevis) homolog 3
213425_at	2,7	wu12h08.x1 NCI_CGAP_GC6 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2516799 3', mRNA sequence.
221911_at	2,7	SEE ALSO
217023_x_at	2,7	Homo sapiens mast cell tryptase beta III gene, complete cds.
205242_at	2,6	Small inducible cytokine B subfamily (Cys-X-Cys motif), member 13 (B-cell chemoattractant)
222379_at	2,6	an20d12.s1 Gessler Wilms tumor Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1699223 3', mRNA sequence.
210883_x_at	2,6	Ephrin-B3
209458_x_at	2,6	Hemoglobin, alpha 2
218609_s_at	2,5	Nudix (nucleoside diphosphate linked moiety X)-type motif 2
221645_s_at	2,5	Zinc finger protein 83 (HPF1)
210511_s_at	2,5	Inhibin, beta A (activin A, activin AB alpha polypeptide)
205941_s_at	2,5	tc30d11.x1 Soares_total_fetus_Nb2HF8_9w Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2066133 3' similar to SW:CA1A_HUMAN Q03692 COLLAGEN ALPHA 1(X) CHAIN PRECURSOR. ;, mRNA sequence.
218002_s_at	2,5	Small inducible cytokine subfamily B (Cys-X-Cys), member 14 (BRAC)
202436_s_at	2,4	Cytochrome P450, subfamily I (dioxin-inducible), polypeptide 1 (glaucoma 3, primary infantile)
221379_at	2,4	HUG1 gene
213568_at	2,4	tw38a08.x1 NCI_CGAP_Ut1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2261942 3' similar to TR:Q24219 Q24219 BOWEL. ;, mRNA sequence.
214175_x_at	2,4	hk42a07.y1 NCI_CGAP_Ov34 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2999316 5', mRNA sequence.
211343_s_at	2,4	Collagen, type XIII, alpha 1
217638_at	2,4	7r05c01.x1 NCI_CGAP_Lu24 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3706753 3', mRNA sequence.
203375_s_at	2,4	Tripeptidyl peptidase II
213841_at	2,4	hu46c02.x1 NCI_CGAP_Brn41 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3173090 3', mRNA sequence.
209631_s_at	2,4	G protein-coupled receptor 37 (endothelin receptor type B-like)
216047_x_at	2,4	Seizure related gene 6 (mouse)-like
201925_s_at	2,4	Decay accelerating factor for complement (CD55, Cromer blood group system)
220618_s_at	2,4	Hypothetical protein FLJ10057
206062_at	2,3	Homo sapiens guanylate cyclase activating protein (GCAP) gene exons 1-4, complete cds.
219773_at	2,3	NADPH oxidase 4
214532_x_at	2,3	POU domain, class 5, transcription factor 1
218468_s_at	2,3	Cysteine knot superfamily 1, BMP antagonist 1
205637_s_at	2,3	SH3-domain GRB2-like 3
202435_s_at	2,3	Cytochrome P450, subfamily I (dioxin-inducible), polypeptide 1 (glaucoma 3, primary infantile)
213979_s_at	2,3	zf53a05.r1 Soares retina N2b4HR Homo sapiens cDNA clone IMAGE:380624 5', mRNA sequence.
204938_s_at	2,3	Phospholamban
211745_x_at	2,3	Hemoglobin, alpha 2
203889_at	2,3	Secretory granule, neuroendocrine protein 1 (7B2 protein)
214657_s_at	2,3	AU134977 PLACE1 Homo sapiens cDNA clone PLACE1000926 5', mRNA sequence.
218907_s_at	2,3	Hypothetical protein MGC3036
218469_at	2,3	Cysteine knot superfamily 1, BMP antagonist 1
211653_x_at	2,3	gb:M33376.1 /DEF=Human pseudo-chlordecone reductase mRNA, complete cds. /FEA=mRNA /DB_XREF=gi:187444 /FL=gb:M33376.1
222040_at	2,3	qb33c06.x1 Soares_pregnant_uterus_NbHPU Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1698058 3', mRNA sequence.
218793_s_at	2,2	Sex comb on midleg (Drosophila)-like 1
204018_x_at	2,2	Hemoglobin, alpha 1
213496_at	2,2	hf44d09.x1 Soares_NFL_T_GBC_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2934737 3', mRNA sequence.
206869_at	2,2	Chondroadherin
202912_at	2,2	Adrenomedullin
207038_at	2,2	Solute carrier family 16 (monocarboxylic acid transporters), member 6
203234_at	2,2	Uridine phosphorylase
219664_s_at	2,2	2,4-dienoyl CoA reductase 2, peroxisomal
211699_x_at	2,2	Hemoglobin, alpha 1
203083_at	2,2	Thrombospondin 2
203213_at	2,2	AL524035 LTI_NFL003_NBC3 Homo sapiens cDNA clone CS0DC003YN06 3 prime, mRNA sequence.
204939_s_at	2,2	Phospholamban
210040_at	2,2	Solute carrier family 12, (potassium/chloride transporter) member 5
204363_at	2,2	Coagulation factor III (thromboplastin, tissue factor)
211456_x_at	2,2	Metallothionein 1H

ID	cf	Gen
211470_s_at	2,2	Sulfotransferase family, cytosolic, 1C, member 1
202267_at	2,2	Laminin, gamma 2 (nicein (100kD), kalinin (105kD), BM600 (100kD), Herlitz junctional epidermolysis bullosa))
216479_at	2,2	bA352D3.1 (60S Ribosomal protein L21 (RPL21) pseudogene) match
216479_at	2,2	bA352D3.1 (60S Ribosomal protein L21 (RPL21) pseudogene) match
203861_s_at	2,1	Actinin, alpha 2
216834_at	2,1	Regulator of G-protein signalling 1
203835_at	2,1	Glycoprotein A repetitions predominant
219248_at	2,1	Hypothetical protein MGC2454
205700_at	2,1	Oxidative 3 alpha hydroxysteroid dehydrogenase; retinol dehydrogenase; 3-hydroxysteroid epimerase
210467_x_at	2,1	Melanoma antigen, family A, 12
204419_x_at	2,1	Hemoglobin, gamma G
210571_s_at	2,1	Cytidine monophosphate-N-acetylneuraminic acid hydroxylase (CMP-N-acetylneuraminate monooxygenase)
205180_s_at	2,1	A disintegrin and metalloproteinase domain 8
219529_at	2,1	Chloride intracellular channel 3
210606_x_at	2,1	Killer cell lectin-like receptor subfamily D, member 1
221835_at	2,1	zb44c04.s1 Soares_fetal_lung_NbHL19W Homo sapiens cDNA clone IMAGE:306438 3', mRNA sequence.
205372_at	2,1	Pleiomorphic adenoma gene 1
214099_s_at	2,1	SEE ALSO
203824_at	2,1	Transmembrane 4 superfamily member 3
213854_at	2,1	Synaptogyrin 1
222272_x_at	2,1	602407908F1 NIH_MGC_91 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4520281 5', mRNA sequence.
206439_at	2,1	Dermatan sulphate proteoglycan 3
206343_s_at	2,1	Neuregulin 1
204080_at	2,1	Hypothetical protein FLJ13949
221107_at	2,05	Cholinergic receptor, nicotinic, alpha polypeptide 9
221127_s_at	2,05	Regulated in glioma
210925_at	2,05	MHC class II transactivator
207103_at	2,04	Potassium voltage-gated channel, Shal-related subfamily, member 2
205404_at	2,04	Hydroxysteroid (11-beta) dehydrogenase 1
201621_at	2,03	Neuroblastoma, suppression of tumorigenicity 1
206932_at	2,02	Cholesterol 25-hydroxylase
207264_at	2,02	KDEL (Lys-Asp-Glu-Leu) endoplasmic reticulum protein retention receptor 3
206310_at	2,02	Serine protease inhibitor, Kazal type, 2 (acrosin-trypsin inhibitor)
214974_x_at	2,02	Small inducible cytokine subfamily B (Cys-X-Cys), member 5 (epithelial-derived neutrophil-activating peptide 78)
210078_s_at	2,02	Potassium voltage-gated channel, shaker-related subfamily, beta member 1
201354_s_at	2,01	Bromodomain adjacent to zinc finger domain, 2A
205595_at	2,01	Desmoglein 3 (pemphigus vulgaris antigen)
204463_s_at	2,01	AU118882 HEMBA1 Homo sapiens cDNA clone HEMBA1004569 5', mRNA sequence.
213459_at	2,00	AU155515 PLACE1 Homo sapiens cDNA clone PLACE1000061 3', mRNA sequence.
213442_x_at	2,00	wc34a10.x1 NCI_CGAP_Pr28 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2317050 3' similar to SW:ETS4_DROME P29775 DNA-BINDING PROTEIN D-ETS-4 ;, mRNA sequence.
215081_at	1,99	KIAA1024 protein
203911_at	1,99	RAP1, GTPase activating protein 1
214627_at	1,99	Eosinophil peroxidase
205249_at	1,99	Early growth response 2 (Krox-20 (Drosophila) homolog)
211734_s_at	1,98	Fc fragment of IgE, high affinity I, receptor for; alpha polypeptide
206372_at	1,98	Myogenic factor 6 (herculin)
201860_s_at	1,97	Plasminogen activator, tissue
210760_x_at	1,97	Thyroid hormone receptor interactor 11
203863_at	1,97	Actinin, alpha 2
216153_x_at	1,97	Reversion-inducing-cysteine-rich protein with kazal motifs
200702_s_at	1,97	602451696F1 NIH_MGC_14 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4590215 5', mRNA sequence.
215203_at	1,97	xu43g07.x1 NCI_CGAP_HN9 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2804508 3' similar to contains Alu repetitive element;, mRNA sequence.
205048_s_at	1,96	Phosphoserine phosphatase-like
219885_at	1,96	Hypothetical protein FLJ10260
218162_at	2,0	HNOEL-iso protein
210187_at	2,0	FK506-binding protein 1A (12kD)
215198_s_at	2,0	AU147402 MAMMA1 Homo sapiens cDNA clone MAMMA1000567 3', mRNA sequence.
221868_at	2,0	KIAA1155 protein
207469_s_at	1,9	Pirin
208891_at	1,9	Dual specificity phosphatase 6
221874_at	1,9	KIAA1324 protein
222271_at	1,9	AV720803 GLC Homo sapiens cDNA clone GLCCMA04 5', mRNA sequence.
206671_at	1,9	S-antigen; retina and pineal gland (arrestin)
222310_at	1,9	ns22g08.s1 NCI_CGAP_GCB1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1184414 3', mRNA sequence.
214642_x_at	1,9	qf93b07.x1 Soares_placenta_8to9weeks_2NbHP8to9W Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1757557 3', mRNA sequence.
217291_at	1,9	H.sapiens carcinoembryonic antigen gene.
214375_at	1,9	wq51g07.x1 NCI_CGAP_GC6 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2474844 3' similar to TR:O75336 O75336 LIPRIN-BETA1. ;, mRNA sequence.
209739_s_at	1,9	wj74e05.x1 NCI_CGAP_Lu19 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2408576 3' similar to SW:GS2_HUMAN P41247 GS2 PROTEIN ;, mRNA sequence.
220559_at	1,9	Engrailed homolog 1
215629_s_at	1,9	oj96b09.s1 Soares_NFL_T_GBC_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1506137 3', mRNA sequence.
219722_s_at	1,9	Hypothetical protein MGC4171
215855_s_at	1,9	SEE ALSO

ID	cf	Gen
222061_at	1,9	zi69c11.s1 Soares_fetal_liver_spleen_1NFLS_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:436052 3' similar to gb:Y00636 LYMPHOCYTE FUNCTION-ASSOCIATED ANTIGEN 3 PRECURSOR (HUMAN);, mRNA sequence.
211203_s_at	1,9	Contactin 1
210936_at	1,9	SEE ALSO
200733_s_at	1,9	Protein tyrosine phosphatase type IVA, member 1
214131_at	1,9	SEE ALSO
205439_at	1,9	Glutathione S-transferase theta 2
216474_x_at	1,9	Tryptase beta 1
213925_at	1,9	DKFZp547E086_s1 547 (synonym: hfbr1) Homo sapiens cDNA clone DKFZp547E086 3', mRNA sequence.
207030_s_at	1,9	Cysteine and glycine-rich protein 2
210674_s_at	1,9	Protocadherin alpha 12
207873_x_at	1,9	Seizure related gene 6 (mouse)-like
37512_at	1,9	oxidative 3 alpha HSD; Human oxidative 3 alpha hydroxysteroid dehydrogenase mRNA, complete cds.
212849_at	1,9	ob18e04.s1 NCI_CGAP_Kid5 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1324062 3', mRNA sequence.
219833_s_at	1,9	Hypothetical protein FLJ10466
208509_s_at	1,9	Olfactory receptor, family 7, subfamily A, member 17
210089_s_at	1,9	SEE ALSO
213212_x_at	1,9	ts85h05.x1 NCI_CGAP_GC6 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2238105 3', mRNA sequence.
204940_at	1,9	Phospholamban
207741_x_at	1,9	Tryptase, alpha
217388_s_at	1,9	Kynureninase (L-kynurenine hydrolase)
209699_x_at	1,9	Aldo-keto reductase family 1, member C2 (dihydrodiol dehydrogenase 2; bile acid binding protein; 3-alpha hydroxysteroid dehydrogenase, type III)
218179_s_at	1,9	Hypothetical protein FLJ12716
205904_at	1,9	MHC class I polypeptide-related sequence A
214436_at	1,9	F-box and leucine-rich repeat protein 2
203228_at	1,9	Platelet-activating factor acetylhydrolase, isoform Ib, gamma subunit (29kD)
210663_s_at	1,9	Kynureninase (L-kynurenine hydrolase)
217165_x_at	1,9	human metallothionein-I ϵ ; Human metallothionein-I ϵ gene (hMT-I ϵ).
217584_at	1,9	HSU55987 Human brain ARSanders Homo sapiens cDNA clone 47507 5', mRNA sequence.
209771_x_at	1,9	nz09g03.s1 NCI_CGAP_GCB1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1287316 3' similar to gb:M57627 INTERLEUKIN-10 PRECURSOR (HUMAN);, mRNA sequence.
204014_at	1,9	Dual specificity phosphatase 4
206135_at	1,9	KIAA0535 gene product
214986_x_at	1,9	Peptidylprolyl isomerase (cyclophilin)-like 2
205419_at	1,9	Epstein-Barr virus induced gene 2 (lymphocyte-specific G protein-coupled receptor)
218804_at	1,9	Hypothetical protein FLJ10261
209465_x_at	1,8	AL565812 LTI_FL013_FBrn1 Homo sapiens cDNA clone CS0DF008YL14 3 prime, mRNA sequence.
204430_s_at	1,8	Solute carrier family 2 (facilitated glucose/fructose transporter), member 5
215211_at	1,8	SEE ALSO
214596_at	1,8	IB2413 Infant brain, Bento Soares Homo sapiens cDNA 3'end, mRNA sequence.
214048_at	1,8	wa11d06.x1 NCI_CGAP_Kid11 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2297771 3', mRNA sequence.
203438_at	1,8	th79e05.x1 Soares_NhHMPu_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2124896 3', mRNA sequence.
219445_at	1,8	Glioma tumor suppressor candidate region gene 1
207490_at	1,8	Likely ortholog of mouse tubulin alpha 4
221919_at	1,8	UI-H-BI3-all-f-08-0-UI.s1 NCI_CGAP_Sub5 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2737287 3', mRNA sequence.
203477_at	1,8	Collagen, type XV, alpha 1
212176_at	1,8	DKFZP564B0769 protein
214980_at	1,8	SEE ALSO
214702_at	1,8	Fibronectin 1
202970_at	1,8	Dual-specificity tyrosine-(Y)-phosphorylation regulated kinase 2
217643_x_at	1,8	zw95f08.s1 Soares_total_fetus_Nb2HF8_9w Homo sapiens cDNA clone IMAGE:784743 3' similar to contains Alu repetitive element;, mRNA sequence.
209687_at	1,8	Stromal cell-derived factor 1
212738_at	1,8	AV717623 DCB Homo sapiens cDNA clone DCBBIC10 5', mRNA sequence.
207552_at	1,8	gb:NM_005176.3 /DEF=Homo sapiens ATP synthase, H ⁺ transporting, mitochondrial F0 complex, subunit c (subunit 9), isoform 2 (ATP5G2), mRNA. /FEA=mRNA /GEN=ATP5G2 /PROD=ATP synthase, H ⁺ transporting, mitochondrial F0complex, subunit c (subunit 9), isoform
205185_at	1,8	Serine protease inhibitor, Kazal type, 5
221642_at	1,8	Three prime repair exonuclease 1
206057_x_at	1,8	Sialophorin (gpL115, leukosialin, CD43)
204073_s_at	1,8	Chromosome 11open reading frame 9
210170_at	1,8	Alpha-actinin-2-associated LIM protein
206025_s_at	1,8	xj93f03.x1 Soares_NFL_T_GBC_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2664797 3' similar to SW:TSG6_HUMAN P98066 TUMOR NECROSIS FACTOR-INDUCIBLE PROTEIN TSG-6 PRECURSOR ;, mRNA sequence.
202146_at	1,8	nx88e08.s1 NCI_CGAP_GCB1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1269350 3' similar to TR:P70228 P70228 INTERFERON-BETA; 12S FRACTION ;, mRNA sequence.
219225_at	1,8	Hypothetical protein FLJ11413
205117_at	1,8	Protein sequence is in conflict with the conceptual translation; H.sapiens FGF gene, exon 3.
212624_s_at	1,8	602038795F1 NCI_CGAP_Brn64 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4186582 5', mRNA sequence.
203660_s_at	1,8	Pericentrin 2 (kendrin)
206245_s_at	1,8	NS1-binding protein
202388_at	1,8	Regulator of G-protein signalling 2, 24kD
213017_at	1,8	AL534702 LTI_FL013_FBrn1 Homo sapiens cDNA clone CS0DF006YN17 3 prime, mRNA sequence.
204748_at	1,8	Prostaglandin-endoperoxide synthase 2 (prostaglandin G/H synthase and cyclooxygenase)
205987_at	1,8	CD1C antigen, c polypeptide

ID	cf	Gen
210926_at	1,8	SEE ALSO
219455_at	1,8	Hypothetical protein FLJ21062
203180_at	1,8	Aldehyde dehydrogenase 1 family, member A3
215541_s_at	1,8	SEE ALSO
204726_at	1,8	Cadherin 13, H-cadherin (heart)
207925_at	1,8	Cystatin D
214015_at	1,8	w93f02.x1 NCI_CGAP_GC6 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2515035 3' similar to TR:O14512 O14512 NCK, ASH AND PHOSPHOLIPASE C GAMMA-BINDING PROTEIN NAP4 ;, mRNA sequence.
203852_s_at	1,8	Survival of motor neuron 1, telomeric
220254_at	1,8	Potential tumor suppressor
202934_at	1,8	wi61h11.x1 NCI_CGAP_Co16 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2394789 3', mRNA sequence.
221501_x_at	1,8	Nuclear pore complex interacting protein
205422_s_at	1,8	Integrin, beta-like 1 (with EGF-like repeat domains)
209343_at	1,8	Hypothetical protein FLJ13612
209774_x_at	1,8	GRO2 oncogene
213645_at	1,8	codes for antisense RNA (RTS alpha mRNA) to thymidylate synthase mRNA and pre-mRNA; member of the mandelate racemase family; associated with quorum sensing functions in human cells; Homo sapiens RTS (RTS) gene, complete cds, alternatively spliced.
214696_at	1,8	Hypothetical protein MGC14376
211241_at	1,8	Annexin A2 pseudogene 3
216320_x_at	1,8	Human hepatocyte growth factor-like protein gene, complete cds.
204151_x_at	1,8	Aldo-keto reductase family 1, member C1 (dihydrodiol dehydrogenase 1; 20-alpha (3-alpha)-hydroxysteroid dehydrogenase)
206026_s_at	1,8	Tumor necrosis factor, alpha-induced protein 6
206026_s_at	1,8	Tumor necrosis factor, alpha-induced protein 6
209067_s_at	1,8	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein D-like
207134_x_at	1,8	Tryptase beta 2
222169_x_at	1,8	yw52h11.r1 Weizmann Olfactory Epithelium Homo sapiens cDNA clone IMAGE:255909 5' similar to gb M87923 HUMALCE12 Human carcinoma cell-derived Alu RNA transcript, (rRNA); gb:M57627 INTERLEUKIN-10 PRECURSOR (HUMAN);contains Alu repetitive element;; mRNA sequ
207946_at	1,8	Trinucleotide repeat containing 3
221112_at	1,8	Interleukin 1 receptor accessory protein-like 2
221974_at	1,8	hl90a07.x1 NCI_CGAP_Lu24 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3009204 3', mRNA sequence.
206668_s_at	1,8	Secretory carrier membrane protein 1
209524_at	1,8	CGI-142
203917_at	1,8	Coxsackie virus and adenovirus receptor
210497_x_at	1,8	Synovial sarcoma, X breakpoint 2
214475_x_at	1,8	Calpain 3, (p94)
201506_at	1,8	Transforming growth factor, beta-induced, 68kD
203358_s_at	1,8	Enhancer of zeste (Drosophila) homolog 2
220839_at	1,7	HSPC133 protein
221728_x_at	1,7	SEE ALSO
216186_at	1,7	yd38g03.s1 Soares fetal liver spleen 1NFLS Homo sapiens cDNA clone IMAGE:110548 3', mRNA sequence.
204015_s_at	1,7	Dual specificity phosphatase 4
209921_at	1,7	Solute carrier family 7, (cationic amino acid transporter, y+ system) member 11
217362_x_at	1,7	Consensus includes gb:AF005487.1 /DEF=Homo sapiens MHC class II antigen (DRB6) mRNA, HLA-DRB6*0201 allele, sequence. /FEA=mRNA /DB_XREF=gi:5915893 /UG=Hs.167385 Homo sapiens MHC class II antigen HLA-DRB6 mRNA, partial cds
214319_at	1,7	zd25a08.s1 Soares_fetal_heart_NbHH19W Homo sapiens cDNA clone IMAGE:341654 3', mRNA sequence.
212454_x_at	1,7	wh92e10.x1 NCI_CGAP_CLL1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2388234 3' similar to contains element THR repetitive element ;, mRNA sequence.
203913_s_at	1,7	AL574184 LTI_NFL006_PL2 Homo sapiens cDNA clone CS0DI039YJ22 3 prime, mRNA sequence.
205395_s_at	1,7	Meiotic recombination (S. cerevisiae) 11 homolog A
221594_at	1,7	Hypothetical protein DKFZp564O0523
211816_x_at	1,7	Fc fragment of IgA, receptor for
213359_at	1,7	zd77e04.s1 Soares_fetal_heart_NbHH19W Homo sapiens cDNA clone IMAGE:346686 3' similar to PIR:A44192 A44192 hnRNP-C protein homolog - human ;, mRNA sequence.
205525_at	1,7	gb:NM_018495.3 /DEF=Homo sapiens NAG22 protein (LOC55873), mRNA. /FEA=mRNA /GEN=LOC55873 /PROD=NAG22 protein /DB_XREF=gi:13236500 /UG=Hs.283080 NAG22 protein /FL=gb:AF247820.3 gb:NM_018495.3
221293_s_at	1,7	Differentially expressed in FDCP (mouse homolog) 6
210036_s_at	1,7	Potassium voltage-gated channel, subfamily H (eag-related), member 2
215101_s_at	1,7	602339217F1 NIH_MGC_89 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4447013 5', mRNA sequence.
214790_at	1,7	SUMO-1-specific protease
218678_at	1,7	Hypothetical protein FLJ21841
218067_s_at	1,7	Hypothetical protein FLJ10154
206891_at	1,7	Actinin, alpha 3
209325_s_at	1,7	Regulator of G-protein signalling 16
201733_at	1,7	Chloride channel 3
214594_x_at	1,7	602366292F1 NIH_MGC_90 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4474439 5', mRNA sequence.
205479_s_at	1,7	Plasminogen activator, urokinase
204449_at	1,7	Phosducin-like
209717_at	1,7	Ecotropic viral integration site 5
201163_s_at	1,7	Insulin-like growth factor binding protein 7
208893_s_at	1,7	Dual specificity phosphatase 6
211668_s_at	1,7	Plasminogen activator, urokinase
219066_at	1,7	Hypothetical protein MDS018
202163_s_at	1,7	CCR4-NOT transcription complex, subunit 8

ID	cf	Gen
203407_at	1,7	Periplakin
219319_at	1,7	Hypothetical protein FLJ14033 similar to hypoxia inducible factor 3, alpha subunit
205905_s_at	1,7	MHC class I polypeptide-related sequence A
222364_at	1,7	EST383293 MAGE resequences, MAGL Homo sapiens cDNA, mRNA sequence.
221951_at	1,7	wi34e04.x1 NCI_CGAP_Co16 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2392158 3', mRNA sequence.
220232_at	1,7	Hypothetical protein FLJ21032
201764_at	1,7	Hypothetical protein MGC5576
217523_at	1,7	AV700298 GKC Homo sapiens cDNA clone GKCBVGO5 3', mRNA sequence.
217523_at	1,7	AV700298 GKC Homo sapiens cDNA clone GKCBVGO5 3', mRNA sequence.
217523_at	1,7	AV700298 GKC Homo sapiens cDNA clone GKCBVGO5 3', mRNA sequence.
201926_s_at	1,7	Decay accelerating factor for complement (CD55, Cromer blood group system)
205936_s_at	1,7	Hexokinase 3 (white cell)
206196_s_at	1,7	RaP2 interacting protein 8
210325_at	1,7	CD1A antigen, a polypeptide
218886_at	1,7	Hypothetical protein FLJ20624
207976_at	1,7	KIAA0795 protein
222371_at	1,7	ab23e08.x5 Stratagene lung (#937210) Homo sapiens cDNA clone IMAGE:841670 3' similar to contains element MER6 repetitive element ;, mRNA sequence.
206435_at	1,7	UDP-N-acetyl-alpha-D-galactosamine:(N-acetylneuraminy)-galactosylglucosylceramide N-acetylglactosaminyltransferase (GalNAc-T)
216446_at	1,7	SEE ALSO
207850_at	1,7	GRO3 oncogene
221862_at	1,7	KIAA1193 protein
213515_x_at	1,7	HA1957 Human fetal liver cDNA library Homo sapiens cDNA, mRNA sequence.
203756_at	1,7	KIAA0337 gene product
208808_s_at	1,7	High-mobility group (nonhistone chromosomal) protein 2
208776_at	1,7	7n28a02.x1 NCI_CGAP_Lu24 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3565730 3', mRNA sequence.
204561_x_at	1,7	Apolipoprotein C-II
218261_at	1,7	Adaptor-related protein complex 1, mu 2 subunit
214603_at	1,7	Zinc finger protein 185 (LIM domain)
222277_at	1,7	602300417F1 NIH_MGC_87 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4401700 5', mRNA sequence.
207659_s_at	1,7	Myelin-associated oligodendrocyte basic protein
210964_s_at	1,7	Glycogenin 2
204162_at	1,7	Highly expressed in cancer, rich in leucine heptad repeats
208117_s_at	1,7	Hypothetical protein FLJ12525
208892_s_at	1,7	Dual specificity phosphatase 6
222149_x_at	1,7	SEE ALSO
207795_s_at	1,7	Killer cell lectin-like receptor subfamily D, member 1
220713_at	1,7	Hypothetical protein FLJ12345
213560_at	1,7	AV658684 GLC Homo sapiens cDNA clone GLCFPA11 3', mRNA sequence.
210416_s_at	1,7	CHK2 (checkpoint, S.pombe) homolog
208498_s_at	1,7	Amylase, alpha 1A; salivary
218128_at	1,7	tc68e01.x1 Soares_NhHMPu_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2069784 3', mRNA sequence.
218128_at	1,7	tc68e01.x1 Soares_NhHMPu_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2069784 3', mRNA sequence.
213684_s_at	1,7	602151296F1 NIH_MGC_81 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4292591 5', mRNA sequence.
204848_x_at	1,7	Hemoglobin, gamma A
221356_x_at	1,7	Purinergic receptor P2X, ligand-gated ion channel, 2
220062_s_at	1,7	Melanoma antigen, family E, 1, cancer/testis specific
210618_at	1,7	gb:AB007943.1 /DEF=Homo sapiens mRNA for KIAA0474 protein, complete cds. /FEA=mRNA /GEN=KIAA0474 /PROD=KIAA0474 protein /DB_XREF=gi:3413909 /UG=Hs.75151 RAP1, GTPase activating protein 1 /FL=gb:AB007943.1
210618_at	1,7	gb:AB007943.1 /DEF=Homo sapiens mRNA for KIAA0474 protein, complete cds. /FEA=mRNA /GEN=KIAA0474 /PROD=KIAA0474 protein /DB_XREF=gi:3413909 /UG=Hs.75151 RAP1, GTPase activating protein 1 /FL=gb:AB007943.1
209267_s_at	1,7	Up-regulated by BCG-CWS
217022_s_at	1,7	Immunoglobulin heavy constant mu
212853_at	1,7	KIAA0276 protein
206461_x_at	1,7	Metallothionein 1H
215646_s_at	1,7	yq42a12.r1 Soares fetal liver spleen 1NFLS Homo sapiens cDNA clone IMAGE:198430 5' similar to gb:X15998_cds1 LARGE FIBROBLAST PROTEOGLYCAN PRECURSOR (HUMAN);, mRNA sequence.
216770_at	1,7	SEE ALSO
207192_at	1,7	Deoxyribonuclease I-like 2
203666_at	1,7	Stromal cell-derived factor 1
211890_x_at	1,7	gb:AF127765.3 /DEF=Homo sapiens calpain 3 (CAPN3) mRNA, complete cds, alternatively spliced. /FEA=CDS /GEN=CAPN3 /PROD=calpain 3 /DB_XREF=gi:7684606 /UG=Hs.40300 calpain 3, (p94) /FL=gb:AF127765.3
209700_x_at	1,7	Phosphodiesterase 4D interacting protein (myomegalin)
213437_at	1,7	ak35d05.s1 Soares_testis_NHT Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1407945 3', mRNA sequence.
214753_at	1,7	xc26c06.x1 NCI_CGAP_Co18 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2585386 3' similar to contains element OFR repetitive element ;, mRNA sequence.
221905_at	1,7	Cylindromatosis (turban tumor syndrome)
220484_at	1,7	Hypothetical protein FLJ11006
206960_at	1,7	G protein-coupled receptor 23
204161_s_at	1,6	Ectonucleotide pyrophosphatase/phosphodiesterase 4 (putative function)
200685_at	1,6	AU146237 HEMBA1 Homo sapiens cDNA clone HEMBA1007233 3', mRNA sequence.
221634_at	1,6	Ribosomal protein L23a-like 1
210601_at	1,6	Cadherin 6, type 2, K-cadherin (fetal kidney)
220053_at	1,6	Growth differentiation factor 3

ID	cf	Gen
209883_at	1,6	Chromosome 1 open reading frame 17
203878_s_at	1,6	Matrix metalloproteinase 11 (stromelysin 3)
201497_x_at	1,6	Myosin, heavy polypeptide 11, smooth muscle
218180_s_at	1,6	Hypothetical protein FLJ21935
206941_x_at	1,6	Sema domain, immunoglobulin domain (Ig), short basic domain, secreted, (semaphorin) 3E
220745_at	1,6	Interleukin 19
219233_s_at	1,6	Hypothetical protein PRO2521
216882_s_at	1,6	isoform 1 match: proteins: Tr:Q9UIC4 Tr:O76041 Tr:Q15346 Tr:Q14215 Tr:Q9Y5Z1 Tr:O77813 Tr:Q90684 Sw:Q61792 Sw:Q14847 Tr:Q9VV91 Tr:Q9UQE4 Tr:Q9UMB8 Sw:P15891 Tr:P97814 Sw:P38479 Tr:Q62423 Sw:P41660 Tr:Q9V845 Sw:P34416 Sw:P34092 Sw:P34417 Sw:P34258; isoform
210559_s_at	1,6	Cell division cycle 2, G1 to S and G2 to M
202536_at	1,6	DKFZP564O123 protein
209644_x_at	1,6	Cyclin-dependent kinase inhibitor 2A (melanoma, p16, inhibits CDK4)
207201_s_at	1,6	Solute carrier family 22 (organic cation transporter), member 1
207823_s_at	1,6	Allograft inflammatory factor 1
219718_at	1,6	Hypothetical protein FLJ10986
215373_x_at	1,6	Hypothetical protein FLJ12151
215822_x_at	1,6	Myelin transcription factor 1
205321_at	1,6	Eukaryotic translation initiation factor 2, subunit 3 (gamma, 52kD)
205990_s_at	1,6	Wingless-type MMTV integration site family, member 5A
205518_s_at	1,6	Cytidine monophosphate-N-acetylneuraminic acid hydroxylase (CMP-N-acetylneuraminate monooxygenase)
221061_at	1,6	Polycystic kidney disease 2-like 1
216229_x_at	1,6	HCGII-7 protein
219132_at	1,6	Pellino (Drosophila) homolog 2
209453_at	1,6	Solute carrier family 9 (sodium/hydrogen exchanger), isoform 1 (antiporter, Na ⁺ /H ⁺ , amiloride sensitive)
219655_at	1,6	Hypothetical protein FLJ11808
204954_s_at	1,6	Dual-specificity tyrosine-(Y)-phosphorylation regulated kinase 1B
205415_s_at	1,6	wm41g03.x1 NCI_CGAP_Ut4 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2438548 3' similar to TR:O15286 O15286 JOSEPHIN MJD1 ;, mRNA sequence.
205959_at	1,6	Matrix metalloproteinase 13 (collagenase 3)
217518_at	1,6	7k07f03.x1 NCI_CGAP_GC6 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3443836 3', mRNA sequence.
201363_s_at	1,6	NS1-binding protein
218340_s_at	1,6	Hypothetical protein FLJ10808
218782_s_at	1,6	PRO2000 protein
212613_at	1,6	wu41e09.x1 Soares_Dieckgraefe_colon_NHCD Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2522632 3', mRNA sequence.
219073_s_at	1,6	Hypothetical protein FLJ20363
219166_at	1,6	Hypothetical protein FLJ10563
221290_s_at	1,6	gb:NM_016473.1 /DEF=Homo sapiens hypothetical protein (LOC51243), mRNA. /FEA=CDS /GEN=LOC51243 /PROD=hypothetical protein /DB_XREF=gi:7706014 /UG=Hs.267263 hypothetical protein /FL=gb:NM_016473.1
210944_s_at	1,6	Calpain 3, (p94)
205956_x_at	1,6	GT198, complete ORF
206005_s_at	1,6	KIAA1009 protein
219973_at	1,6	Hypothetical protein FLJ23548
210119_at	1,6	Potassium inwardly-rectifying channel, subfamily J, member 15
209751_s_at	1,6	Spondyloepiphyseal dysplasia, late, pseudogene
214057_at	1,6	ys05h09.s1 Soares fetal liver spleen 1NFLS Homo sapiens cDNA clone IMAGE:213953 3', mRNA sequence.
206839_at	1,6	Hypothetical protein
207370_at	1,6	Integrin-binding sialoprotein (bone sialoprotein, bone sialoprotein II)
208047_s_at	1,6	NGFI-A binding protein 1 (EGR1 binding protein 1)
214787_at	1,6	601125471F1 NIH_MGC_8 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3345232 5', mRNA sequence.
209189_at	1,6	V-fos FBJ murine osteosarcoma viral oncogene homolog
202298_at	1,6	NADH dehydrogenase (ubiquinone) 1 alpha subcomplex, 1 (7.5kD, MWFE)
212713_at	1,6	yj89b06.s1 Soares breast 2NbHBst Homo sapiens cDNA clone IMAGE:155891 3', mRNA sequence.
221213_s_at	1,6	Hypothetical protein FLJ20086
220354_at	1,6	Hypothetical protein MGC2780
216310_at	1,6	KIAA1361 protein
207890_s_at	1,6	Matrix metalloproteinase 25
216391_s_at	1,6	Spinocerebellar ataxia 8
218202_x_at	1,6	Mitochondrial ribosomal protein L44
218202_x_at	1,6	Mitochondrial ribosomal protein L44
216196_at	1,6	SEE ALSO
203141_s_at	1,6	wx23f04.x1 NCI_CGAP_Kid11 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2544511 3' similar to TR:O00203 O00203 AP-3 COMPLEX BETA3A SUBUNIT. [1] ;, mRNA sequence.
219546_at	1,6	Homolog of mouse BMP-2 inducible kinase
216959_x_at	1,6	member of the immunoglobulin supergene family; neural cell surface transmembrane protein; Human hBRAVO/Nr-CAM precursor (hBRAVO/Nr-CAM) gene, complete cds.
219509_at	1,6	Myozenin
208496_x_at	1,6	H3 histone family, member H
221914_at	1,6	yn57c12.s1 Soares adult brain N2b5HB55Y Homo sapiens cDNA clone IMAGE:172534 3', mRNA sequence.
201362_at	1,6	NS1-binding protein
217620_s_at	1,6	oc15b01.s1 NCI_CGAP_GCB1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1340905 3' similar to SW:P11B_HUMAN P42338 PHOSPHATIDYLINOSITOL 3-KINASE CATALYTIC SUBUNIT, BETA ISOFORM ;, mRNA sequence.
209875_s_at	1,6	Secreted phosphoprotein 1 (osteopontin, bone sialoprotein I, early T-lymphocyte activation 1)
209595_at	1,6	General transcription factor IIF, polypeptide 2 (30kD subunit)
201436_at	1,6	Eukaryotic translation initiation factor 4E
201951_at	1,6	Activated leucocyte cell adhesion molecule

ID	cf	Gen
214116_at	1,6	wi95g11.x1 NCI_CGAP_Kid12 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2401124 3' similar to SW:BTD_HUMAN P43251 BIOTINIDASE PRECURSOR ;, mRNA sequence.
214093_s_at	1,6	zl20f08.s1 Soares_pregnant_uterus_NbHPU Homo sapiens cDNA clone IMAGE:502503 3', mRNA sequence.
214012_at	1,6	7b55a07.x1 NCI_CGAP_Lu24 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3232116 3', mRNA sequence.
201304_at	1,6	NADH dehydrogenase (ubiquinone) 1 alpha subcomplex, 5 (13kD, B13)
209032_s_at	1,6	Immunoglobulin superfamily, member 4
207153_s_at	1,6	FKBP-associated protein
212930_at	1,6	UI-HF-BR0p-aji-a-01-0-UI.s1 NIH_MGC_52 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3074568 3', mRNA sequence.
203563_at	1,6	Actin filament associated protein
203598_s_at	1,6	WW domain binding protein 4 (formin binding protein 21)
219584_at	1,6	Phosphatidylserine-specific phospholipase A1alpha
215240_at	1,6	qd23e12.x1 Soares_placenta_8to9weeks_2NbHP8to9W Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1724590 3' similar to gb:M35999 PLATELET MEMBRANE GLYCOPROTEIN IIIA PRECURSOR (HUMAN);, mRNA sequence.
221221_s_at	1,6	Kelch (Drosophila)-like 3
214289_at	1,6	zh54c06.s1 Soares_fetal_liver_spleen_1NFLS_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:415882 3' similar to gb:D00761 PROTEASOME COMPONENT C5 (HUMAN);, mRNA sequence.
216504_s_at	1,6	Up-regulated by BCG-CWS
213653_at	1,6	cr43g01.x1 Jia bone marrow stroma Homo sapiens cDNA clone HBMSC_cr43g01 3', mRNA sequence.
209955_s_at	1,6	Fibroblast activation protein, alpha
204159_at	1,6	Cyclin-dependent kinase inhibitor 2C (p18, inhibits CDK4)
214429_at	1,6	Myotubularin related protein 6
202147_s_at	1,6	Interferon-related developmental regulator 1
220643_s_at	1,6	Hypothetical protein FLJ10582
222266_at	1,6	602258153F1 NIH_MGC_85 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4341588 5', mRNA sequence.
214577_at	1,6	602341841F1 NIH_MGC_89 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4451986 5', mRNA sequence.
219291_at	1,6	X 009 protein
213859_x_at	1,6	wb61h07.x1 NCI_CGAP_GC6 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2310205 3' similar to gb:M88163 POSSIBLE GLOBAL TRANSCRIPTION ACTIVATOR SNF2L (HUMAN);, mRNA sequence.
206534_at	1,6	Glutamate receptor, ionotropic, N-methyl D-aspartate 2A
208365_s_at	1,6	G protein-coupled receptor kinase 2 (Drosophila)-like
203893_at	1,6	Adrenal gland protein AD-004
213823_at	1,6	yu57a03.s1 Soares fetal liver spleen 1NFLS Homo sapiens cDNA clone IMAGE:230188 3', mRNA sequence.
210001_s_at	1,6	JAK binding protein
203310_at	1,6	Syntaxin binding protein 3
206116_s_at	1,6	Tropomyosin 1 (alpha)
215716_s_at	1,6	PMCA1; alternatively spliced; Homo sapiens plasma membrane calcium ATPase isoform 1 (ATP2B1) gene, alternative splice products, partial cds.
202988_s_at	1,6	Regulator of G-protein signalling 1
222060_at	1,6	SEE ALSO
218877_s_at	1,6	MDS024 protein
212207_at	1,6	KIAA1025 protein
215536_at	1,6	Consensus includes gb:X87344 /DEF=H.sapiens DMA, DMB, HLA-Z1, IPP2, LMP2, TAP1, LMP7, TAP2, DOB, DQB2 and RING8, 9, 13 and 14 genes /FEA=mRNA_2 /DB_XREF=gi:1054740 /UG=Hs.247964 H.sapiens DMA, DMB, HLA-Z1, IPP2, LMP2, TAP1, LMP7, TAP2, DOB, DQB2 and RING8
214861_at	1,6	qt04f03.x1 NCI_CGAP_GC4 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1946621 3' similar to contains MER30.t2 MER30 repetitive element ;, mRNA sequence.
210701_at	1,6	Craniofacial development protein 1
201437_s_at	1,6	Eukaryotic translation initiation factor 4E
202351_at	1,6	qb15g06.x1 Soares_pregnant_uterus_NbHPU Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1696378 3', mRNA sequence.
215006_at	1,6	SEE ALSO
214722_at	1,6	xt64d08.x1 NCI_CGAP_Ut2 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2791215 3' similar to contains Alu repetitive element;contains element MER12 repetitive element ;, mRNA sequence.
215587_x_at	1,6	SELECTED MODEL ORGANISM PROTEIN SIMILARITIES
211180_x_at	1,6	Runt-related transcription factor 1 (acute myeloid leukemia 1; aml1 oncogene)
204926_at	1,6	Inhibin, beta A (activin A, activin AB alpha polypeptide)
221546_at	1,6	Pre-mRNA processing factor 18
204879_at	1,6	Lung type-I cell membrane-associated glycoprotein
202746_at	1,6	Consensus includes gb:AL021786 /DEF=Human DNA sequence from PAC 696H22 on chromosome Xq21.1-21.2. Contains a mouse E25 like gene, a Kinesin like pseudogene and ESTs /FEA=mRNA /DB_XREF=gi:2853186 /UG=Hs.17109 integral membrane protein 2A /FL=gb:AF038953.1
212186_at	1,6	7f85g11.x1 NCI_CGAP_Pr28 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3303812 3', mRNA sequence.
216538_at	1,6	SEE ALSO
210617_at	1,6	Phosphate regulating gene with homologies to endopeptidases on the X chromosome (hypophosphatemia, vitamin D resistant rickets)
219979_s_at	1,6	Hypothetical protein
219425_at	1,6	Sulfortranferase family 4A, member 1
203409_at	1,6	Damage-specific DNA binding protein 2 (48kD)
212620_at	1,6	KIAA0295 protein
211698_at	1,6	CREBBP/EP300 inhibitory protein 1
220245_at	1,6	AIM-1 protein
206693_at	1,6	Interleukin 7
222296_at	1,6	yl156a05.x5 Soares breast 3NbHBst Homo sapiens cDNA clone IMAGE:162224 3' similar to contains PTR5.t3 PTR5 repetitive element ;, mRNA sequence.
220066_at	1,6	Caspase recruitment domain family, member 15
209829_at	1,6	Chromosome 6 open reading frame 32
217336_at	1,6	dj858M22.1 (RPS10 (40S ribosomal protein S10) pseudogene) match: proteins: Sw:O14112 Tr:O77302 Tr:O13614 Sw:Q07254 Sw:O77082 Sw:P09900 Tr:Q9Y0Y3 Sw:P46783; Human DNA sequence from clone RP5-858M22 on

ID	cf	Gen
		chromosome 20. Contains an RPS10 (40S ribosomal protein
202729_s_at	1,6	Latent transforming growth factor beta binding protein 1
218196_at	1,6	HSPC019 protein
220445_s_at	1,6	Taxol resistance associated gene 3
203362_s_at	1,6	MAD2 (mitotic arrest deficient, yeast, homolog)-like 1
207648_at	1,6	Dystrophin related protein 2
210871_x_at	1,6	KIAA0923 protein
221899_at	1,6	wf64b09.x1 Soares_NFL_T_GBC_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2360345 3' similar to TR:Q92802 Q92802 HYPOTHETICAL 67.5 KD PROTEIN. ;, mRNA sequence.
205861_at	1,6	Spi-B transcription factor (Spi-1/PU.1 related)
204045_at	1,6	Transcription elongation factor A (SII)-like 1
222156_x_at	1,6	SEE ALSO
213257_at	1,6	Sterile alpha and HEAT/Armadillo motif protein, ortholog of Drosophila
215513_at	1,6	Hydatidiform mole associated and imprinted
206834_at	1,6	Hemoglobin, delta
216471_x_at	1,6	Synovial sarcoma, X breakpoint 2
222108_at	1,6	Homo sapiens BAC clone GS1-99H8 from 7, complete sequence.
216944_s_at	1,6	Inositol 1,4,5-triphosphate receptor, type 1
209388_at	1,6	Hypothetical protein MGC5378
212671_s_at	1,6	602438950F1 NIH_MGC_48 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4564956 5', mRNA sequence.
209528_s_at	1,6	KIAA0683 gene product
36612_at	1,6	Human mRNA for KIAA0280 gene, partial cds.
218566_s_at	1,6	Cysteine and histidine-rich domain (CHORD)-containing, zinc-binding protein 1
217731_s_at	1,6	Integral membrane protein 2B
201486_at	1,6	Reticulocalbin 2, EF-hand calcium binding domain
205003_at	1,6	KIAA0716 gene product
205583_s_at	1,6	Hypothetical protein FLJ23018
201993_x_at	1,6	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein D-like
204729_s_at	1,6	Syntaxin 1A (brain)
209382_at	1,6	Polymerase (RNA) III (DNA directed) (62kD)
210471_s_at	1,6	Potassium voltage-gated channel, shaker-related subfamily, beta member 1
213910_at	1,6	hn54g08.x1 NCI_CGAP_Co17 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3027518 3' similar to gb:X63563 DNA-DIRECTED RNA POLYMERASE II 140 KD POLYPEPTIDE (HUMAN);, mRNA sequence.
222358_x_at	1,6	tg95a07.x1 NCI_CGAP_CLL1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2116500 3' similar to gb:M15990 PROTO-ONCOGENE TYROSINE-PROTEIN KINASE YES (HUMAN);contains Alu repetitive element;contains element PTR7 repetitive element ;, mRNA sequence.
207996_s_at	1,6	Chromosome 18 open reading frame 1
212224_at	1,6	Aldehyde dehydrogenase 1 family, member A1
217330_at	1,6	Disrupted in schizophrenia 1
78330_at	1,6	ak04e11.s1 Soares_parathyroid_tumor_NbHPA Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1405004 3', mRNA sequence.
207446_at	1,6	Toll-like receptor 6
220553_s_at	1,6	Hypothetical protein FLJ20666
214136_at	1,6	zh50h11.s1 Soares_fetal_liver_spleen_1NFLS_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:415557 3', mRNA sequence.
206739_at	1,6	Homeo box C5
204276_at	1,6	601437912F1 NIH_MGC_72 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3922971 5', mRNA sequence.
201031_s_at	1,6	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein H1 (H)
212996_s_at	1,6	Chromosome 21 open reading frame 108
220145_at	1,6	Hypothetical protein FLJ21159
201664_at	1,6	SMC4 (structural maintenance of chromosomes 4, yeast)-like 1
203925_at	1,5	Glutamate-cysteine ligase, modifier subunit
209474_s_at	1,5	Ectonucleoside triphosphate diphosphohydrolase 1
215195_at	1,5	SEE ALSO
204475_at	1,5	Matrix metalloproteinase 1 (interstitial collagenase)
204299_at	1,5	FUS-interacting protein (serine-arginine rich) 2
214731_at	1,5	Hypothetical protein DKFZp547A023
213943_at	1,5	Twist (Drosophila) homolog (acrocephalosyndactyly 3; Saethre-Chotzen syndrome)
216060_s_at	1,5	KIAA0666 protein
207723_s_at	1,5	Killer cell lectin-like receptor subfamily C, member 3
213544_at	1,5	qe82d12.x1 Soares_fetal_lung_NbHL19W Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1745495 3' similar to TR:O00532 O00532 P33ING1. ;, mRNA sequence.
220180_at	1,5	CTCL tumor antigen se57-1
212170_at	1,5	RNA binding motif protein 12
213737_x_at	1,5	tu05d12.x1 NCI_CGAP_Pr28 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2250167 3', mRNA sequence.
218663_at	1,5	Chromosome condensation protein G
201292_at	1,5	Topoisomerase (DNA) II alpha (170kD)
215009_s_at	1,5	SEE ALSO
210986_s_at	1,5	Tropomyosin 1 (alpha)
205542_at	1,5	Six transmembrane epithelial antigen of the prostate
211489_at	1,5	Adrenergic, alpha-1A-, receptor
212579_at	1,5	ak52e09.s1 Soares_testis_NHT Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1409608 3', mRNA sequence.
220737_at	1,5	Ribosomal protein S6 kinase, 90kD, polypeptide 6
214132_at	1,5	naf35f07.x1 Soares_NPBMC Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4143109 3', mRNA sequence.
202508_s_at	1,5	Synaptosomal-associated protein, 25kD
212297_at	1,5	601882315F1 NIH_MGC_57 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4094786 5', mRNA sequence.
205942_s_at	1,5	SA (rat hypertension-associated) homolog
222380_s_at	1,5	PM-BT134-050499-650 BT134 Homo sapiens cDNA, mRNA sequence.

ID	cf	Gen
212215_at	1,5	Putative L-type neutral amino acid transporter
201699_at	1,5	Proteasome (prosome, macropain) 26S subunit, ATPase, 6
41660_at	1,5	G-2 and S-phase expressed 1
220206_at	1,5	Hypothetical protein FLJ23151
211794_at	1,5	FYN-binding protein (FYB-120/130)
208588_at	1,5	Apoptosis inhibitor
222318_at	1,5	wg02f04.x1 Soares_NSF_F8_9W_OT_PA_P_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2363935 3', mRNA sequence.
219589_s_at	1,5	Hypothetical protein FLJ10922
221079_s_at	1,5	Hypothetical protein FLJ11350
214446_at	1,5	ELL-RELATED RNA POLYMERASE II, ELONGATION FACTOR
202574_s_at	1,5	Casein kinase 1, gamma 2
220072_at	1,5	Hypothetical protein FLJ22490
206825_at	1,5	Oxytocin receptor
221344_at	1,5	Olfactory receptor, family 12, subfamily D, member 2
204096_s_at	1,5	Hypothetical protein DKFZp434I1916
203939_at	1,5	5' nucleotidase (CD73)
214831_at	1,5	SEE ALSO
221155_x_at	1,5	Hypothetical protein PRO1496
202464_s_at	1,5	6-phosphofructo-2-kinase/fructose-2,6-biphosphatase 3
219758_at	1,5	Hypothetical protein FLJ12571
208325_s_at	1,5	Lymphoid blast crisis oncogene
211549_s_at	1,5	Hydroxyprostaglandin dehydrogenase 15-(NAD)
201839_s_at	1,5	Tumor-associated calcium signal transducer 1
219310_at	1,5	Hypothetical protein FLJ14220
207742_s_at	1,5	Nuclear receptor subfamily 6, group A, member 1
205282_at	1,5	Low density lipoprotein receptor-related protein 8, apolipoprotein e receptor
211564_s_at	1,5	LIM domain protein
206055_s_at	1,5	Small nuclear ribonucleoprotein polypeptide A'
211393_at	1,5	Zinc finger protein 278
214962_s_at	1,5	KIAA0197 protein
220989_s_at	1,5	Amnionless protein
222238_s_at	1,5	Polymerase (DNA directed), mu
202240_at	1,5	Polo (Drosophila)-like kinase
214417_s_at	1,5	yv22a08.s1 Soares fetal liver spleen 1NFLS Homo sapiens cDNA clone IMAGE:243446 3', mRNA sequence.
215926_x_at	1,5	Small nuclear RNA activating complex, polypeptide 4, 190kD
219866_at	1,5	Chloride intracellular channel 5
210140_at	1,5	Cystatin F (leukocystatin)
214163_at	1,5	AV700696 GKC Homo sapiens cDNA clone GKCAHB05 3', mRNA sequence.
217541_x_at	1,5	602388395F1 NIH_MGC_93 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4517206 5', mRNA sequence.
217541_x_at	1,5	602388395F1 NIH_MGC_93 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4517206 5', mRNA sequence.
207311_at	1,5	Double C2-like domains, beta
214841_at	1,5	SEE ALSO
214252_s_at	1,5	AV700514 GKC Homo sapiens cDNA clone GKCDQC04 3', mRNA sequence.
215459_at	1,5	Tax interaction protein 1
208204_s_at	1,5	Caveolin 3
212934_at	1,5	qk25c04.x1 NCI_CGAP_Kid3 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1869990 3', mRNA sequence.
201147_s_at	1,5	Tissue inhibitor of metalloproteinase 3 (Sorsby fundus dystrophy, pseudoinflammatory)
201109_s_at	1,5	tw46c12.x1 NCI_CGAP_Ut1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2262742 3' similar to gb:X04665_cds1 THROMBOSPONDIN 1 PRECURSOR (HUMAN);, mRNA sequence.
209109_s_at	1,5	Transmembrane 4 superfamily member 6
209660_at	1,5	Transthyretin (prealbumin, amyloidosis type I)
204137_at	1,5	Transmembrane 7 superfamily member 1 (upregulated in kidney)
206816_s_at	1,5	Sperm associated antigen 8
211548_s_at	1,5	Hydroxyprostaglandin dehydrogenase 15-(NAD)
202177_at	1,5	Growth arrest-specific 6
205771_s_at	1,5	match: proteins: Sw:O55074 Sw:O43687; Human DNA sequence from clone RP1-104L14 on chromosome 6 Contains part of the AKAP7 (A kinase (PRKA) anchor protein 7) gene, ESTs, STSs and GSSs, complete sequence.
203644_s_at	1,5	ty79g04.x1 NCI_CGAP_Kid11 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2285334 3', mRNA sequence.
221347_at	1,5	Cholinergic receptor, muscarinic 5
209551_at	1,5	Hypothetical protein MGC11061
220014_at	1,5	Mesenchymal stem cell protein DSC54
210679_x_at	1,5	B-cell CLL/lymphoma 7A
219163_at	1,5	Hypothetical protein FLJ20079
219484_at	1,5	Host cell factor 2
206448_at	1,5	KIAA0844 protein
210102_at	1,5	Loss of heterozygosity, 11, chromosomal region 2, gene A
204547_at	1,5	GTP-binding protein homologous to Saccharomyces cerevisiae SEC4
220253_s_at	1,5	Potential tumor suppressor
64900_at	1,5	zt60f09.r1 Soares_testis_NHT Homo sapiens cDNA clone IMAGE:726761 5', mRNA sequence.
210115_at	1,5	Ribosomal protein L39-like 1
215899_at	1,5	SEE ALSO
203410_at	1,5	Adaptor-related protein complex 3, mu 2 subunit
219442_at	1,5	Hypothetical protein MGC3020
202422_s_at	1,5	Fatty-acid-Coenzyme A ligase, long-chain 4
216371_at	1,5	Consensus includes gb:AF103295.1 /DEF=Homo sapiens clone N97 immunoglobulin heavy chain variable region mRNA, partial cds. /FEA=mRNA /PROD=immunoglobulin heavy chain variable region /DB_XREF=gi:4838126

ID	cf	Gen
		/UG=Hs.283882 Homo sapiens clone N97 immunoglobulin
219540_at	1,5	AU150728 NT2RP2 Homo sapiens cDNA clone NT2RP2003470 3', mRNA sequence.
211733_x_at	1,5	Sterol carrier protein 2
213883_s_at	1,5	ze27c03.s1 Soares retina N2b4HR Homo sapiens cDNA clone IMAGE:360196 3', mRNA sequence.
204375_at	1,5	KIAA0726 gene product
212927_at	1,5	KIAA0594 protein
204538_x_at	1,5	Nuclear pore complex interacting protein
204845_s_at	1,5	Glutamyl aminopeptidase (aminopeptidase A)
213549_at	1,5	wm93f11.x1 NCI_CGAP_Ut2 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2443533 3', mRNA sequence.
203603_s_at	1,5	Zinc finger homeobox 1B
219527_at	1,5	Hypothetical protein FLJ20605
211172_x_at	1,5	A kinase (PRKA) anchor protein 7
202384_s_at	1,5	Treacher Collins-Franceschetti syndrome 1
201110_s_at	1,5	Thrombospondin 1
213269_at	1,5	yx59h05.s1 Soares melanocyte 2NbHM Homo sapiens cDNA clone IMAGE:266073 3', mRNA sequence.
209803_s_at	1,5	Tumor suppressing subtransferable candidate 3
215228_at	1,5	zq39f05.s1 Stratagene hNT neuron (#937233) Homo sapiens cDNA clone IMAGE:632097 3' similar to gb:M96740 HELIX-LOOP-HELIX PROTEIN 2 (HUMAN);, mRNA sequence.
220230_s_at	1,5	Cytochrome b5 reductase b5R.2
212353_at	1,5	wy80e01.x1 Soares_NSF_F8_9W_OT_PA_P_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2554872 3', mRNA sequence.
209839_at	1,5	KIAA0820 protein
212070_at	1,5	AI554008 LTI_NFL006_PL2 Homo sapiens cDNA clone CS0DI079YN13 5 prime, mRNA sequence.
218121_at	1,5	Heme oxygenase (decycling) 2
218871_x_at	1,5	Hypothetical protein PRO0082
218871_x_at	1,5	Hypothetical protein PRO0082
213493_at	1,5	DKFZP586B2420 protein
202557_at	1,5	as43b01.x1 Barstead aorta HPLRB6 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2319913 3', mRNA sequence.
220046_s_at	1,5	Cyclin L ania-6a
219967_at	1,5	Hypothetical protein FLJ22578
219967_at	1,5	Hypothetical protein FLJ22578
222382_x_at	1,5	UI-H-BI1-afx-h-03-0-UL.s1 NCI_CGAP_Sub3 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2723549 3', mRNA sequence.
209648_x_at	1,5	KIAA0671 gene product
221916_at	1,5	7j78a07.x1 Soares_NSF_F8_9W_OT_PA_P_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3392532 3', mRNA sequence.
201657_at	1,5	ADP-ribosylation factor-like 1
207098_s_at	1,5	Mitofusin 1
218784_s_at	1,5	Hypothetical protein FLJ11101
208370_s_at	1,5	Down syndrome critical region gene 1
204208_at	1,5	RNA guanylyltransferase and 5'-phosphatase
202960_s_at	1,5	Methylmalonyl Coenzyme A mutase
201792_at	1,5	AE-binding protein 1
221768_at	1,5	AV705803 ADB Homo sapiens cDNA clone ADBAFG09 5', mRNA sequence.
206115_at	1,5	Early growth response 3
219977_at	1,5	Aryl hydrocarbon receptor-interacting protein-like 1
204645_at	1,5	Cyclin T2
220877_at	1,5	Hypothetical protein PRO1316
210396_s_at	1,5	gb:AF271775.1 /DEF=Homo sapiens DC49 mRNA, complete cds. /FEA=mRNA /PROD=DC49 /DB_XREF=gi:12006206 /UG=Hs.307093 Homo sapiens DC49 mRNA, complete cds /FL=gb:AF271775.1
219029_at	1,5	Hypothetical protein FLJ21657
210322_x_at	1,5	Ubiquitously transcribed tetratricopeptide repeat gene, Y chromosome
213137_s_at	1,5	wj37b02.x1 NCI_CGAP_Lu19 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2404971 3' similar to gb:M25393 T-CELL PROTEIN-TYROSINE PHOSPHATASE (HUMAN);, mRNA sequence.
206199_at	1,5	Carcinoembryonic antigen-related cell adhesion molecule 7
207165_at	1,5	Hyaluronan-mediated motility receptor (RHAMM)
203397_s_at	1,5	7h87d05.x1 NCI_CGAP_Co16 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3322953 3', mRNA sequence.
207796_x_at	1,5	Killer cell lectin-like receptor subfamily D, member 1
217407_x_at	1,5	Peptidylprolyl isomerase (cyclophilin)-like 2
207307_at	1,5	5-hydroxytryptamine (serotonin) receptor 2C
202191_s_at	1,5	Growth arrest-specific 7
219089_s_at	1,5	Hypothetical protein MGC2508
207415_at	1,5	Phospholipase A2 receptor 1, 180kD
204123_at	1,5	Ligase III, DNA, ATP-dependent
209114_at	1,5	Tetraspan 1
218662_s_at	1,5	Chromosome condensation protein G
213619_at	1,5	AV753392 NPd Homo sapiens cDNA clone NPDAUG03 5', mRNA sequence.
220789_s_at	1,5	Cell cycle progression 2 protein
221979_at	1,5	qf44e06.x1 Soares_testis_NHT Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1752898 3', mRNA sequence.
214152_at	1,5	AU144243 HEMBA1 Homo sapiens cDNA clone HEMBA1001328 3', mRNA sequence.
212926_at	1,5	KIAA0594 protein
215870_s_at	1,5	Phospholipase A2, group IID
201213_at	1,5	oy81f08.s1 NCI_CGAP_CLL1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1672263 3', mRNA sequence.
204982_at	1,5	G protein-coupled receptor kinase-interactor 2
222001_x_at	1,5	qb51h08.x1 NCI_CGAP_Brn23 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1703679 3', mRNA sequence.
201149_s_at	1,5	Tissue inhibitor of metalloproteinase 3 (Sorsby fundus dystrophy, pseudoinflammatory)
214927_at	1,5	SEE ALSO
213697_at	1,5	UI-H-BI2-agl-e-11-0-UL.s1 NCI_CGAP_Sub4 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2724597 3', mRNA sequence.
214658_at	1,5	602382536F1 NIH_MGC_93 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4500129 5', mRNA sequence.

ID	cf	Gen
221978_at	1,5	xw96a07.x1 NCI_CGAP_Pan1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2835828 3' similar to gb:X17093_cds1 HLA CLASS I HISTOCOMPATIBILITY ANTIGEN, F ALPHA CHAIN (HUMAN);, mRNA sequence.
218007_s_at	1,5	40S ribosomal protein S27 isoform
218490_s_at	1,5	Zinc finger protein 302
219279_at	1,5	Hypothetical protein FLJ20220
211302_s_at	1,5	Phosphodiesterase 4B, cAMP-specific (dunce (Drosophila)-homolog phosphodiesterase E4)
202783_at	1,5	Nicotinamide nucleotide transhydrogenase
215784_at	1,5	EST180452 Jurkat T-cells V Homo sapiens cDNA 5' end similar to CD1 antigen R2, major histocompatibility complex-related, mRNA sequence.
205381_at	1,5	37 kDa leucine-rich repeat (LRR) protein
201016_at	1,5	601067180F1 NIH_MGC_10 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3453571 5', mRNA sequence.
211872_s_at	1,5	Regulator of G-protein signalling 11
203876_s_at	1,5	Matrix metalloproteinase 11 (stromelysin 3)
212789_at	1,5	wh58a06.x1 NCI_CGAP_Kid11 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2384914 3' similar to SW:Y056_HUMAN P42695 HYPOTHETICAL PROTEIN KIAA0056 ;, mRNA sequence.
202066_at	1,5	Protein tyrosine phosphatase, receptor type, f polypeptide (PTPRF), interacting protein (liprin), alpha 1
209515_s_at	1,5	gb:U38654.3 /DEF=Homo sapiens Rab27a mRNA, complete cds. /FEA=mRNA /PROD=Rab27a /DB_XREF=gi:4887230 /UG=Hs.50477 RAB27A, member RAS oncogene family /FL=gb:U38654.3
209666_s_at	1,5	Conserved helix-loop-helix ubiquitous kinase
213786_at	1,5	wo84c03.x1 NCI_CGAP_Kid11 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2462020 3', mRNA sequence.
217356_s_at	1,5	Consensus includes gb:S81916.1 /DEF=phosphoglycerate kinase [alternatively spliced] human, phosphoglycerate kinase deficient patient with episodes of muscle, mRNA Partial Mutant, 307 nt. /FEA=mRNA /PROD=phosphoglycerate kinase /DB_XREF=gi:1470308 /UG=Hs.1
211709_s_at	1,5	Stem cell growth factor; lymphocyte secreted C-type lectin
204194_at	1,5	BTB and CNC homology 1, basic leucine zipper transcription factor 1
206226_at	1,5	Histidine-rich glycoprotein
214649_s_at	1,5	Myotubularin related protein 2
201171_at	1,5	ATPase, H+ transporting, lysosomal (vacuolar proton pump) 9kD
219383_at	1,5	Hypothetical protein FLJ14213
219334_s_at	1,5	Hypothetical protein FLJ22833
209943_at	1,5	F-box and leucine-rich repeat protein 4
211458_s_at	1,5	GABA(A) receptors associated protein like 3
209412_at	1,5	Transmembrane protein 1
201924_at	1,5	Myeloid/lymphoid or mixed-lineage leukemia (trithorax (Drosophila) homolog); translocated to, 2
208240_s_at	1,5	Acid fibroblast growth factor-like protein
204359_at	1,5	Fibronectin leucine rich transmembrane protein 2
221918_at	1,5	wg39c02.x1 Soares_NSF_F8_9W_OT_PA_P_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2367458 3', mRNA sequence.
221918_at	1,5	wg39c02.x1 Soares_NSF_F8_9W_OT_PA_P_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2367458 3', mRNA sequence.
221355_at	1,5	gb:NM_005199.3 /DEF=Homo sapiens cholinergic receptor, nicotinic, gamma polypeptide (CHRNA), mRNA. /FEA=CDS /GEN=CHRNA /PROD=cholinergic receptor, nicotinic, gamma polypeptide /DB_XREF=gi:7382453 /UG=Hs.248101 cholinergic receptor, nicotinic, gamma polypeptide
219859_at	1,5	C-type (calcium dependent, carbohydrate-recognition domain) lectin, superfamily member 9
211531_x_at	1,5	Proline-rich protein BstNI subfamily 2
207367_at	1,5	ATPase, H+/K+ transporting, nongastric, alpha polypeptide
203214_x_at	1,5	Cell division cycle 2, G1 to S and G2 to M
204318_s_at	1,5	G-2 and S-phase expressed 1
203782_s_at	1,5	Polymerase (RNA) mitochondrial (DNA directed)
204087_s_at	1,5	Solute carrier family 5 (sodium-dependent vitamin transporter), member 6
208476_s_at	1,5	Hypothetical protein FLJ10210
211015_s_at	1,5	Heat shock 70kD protein 4
204026_s_at	1,5	ZW10 interactor
219356_s_at	1,5	Hypothetical protein HSPC177
203552_at	1,5	UL-H-BW0-ajt-a-06-0-ULs1 NCI_CGAP_Sub6 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2732819 3', mRNA sequence.
205342_s_at	1,5	Sulfotransferase family, cytosolic, 1C, member 1
208058_s_at	1,5	Mannosyl (beta-1,4-)-glycoprotein beta-1,4-N-acetylglucosaminyltransferase
208109_s_at	1,5	Chromosome 15 open reading frame 5
220044_x_at	1,5	Cisplatin resistance-associated overexpressed protein
215127_s_at	1,5	AL517946 LTI_NFL011_NBC1 Homo sapiens cDNA clone CS0DA004YB11 3 prime, mRNA sequence.
219363_s_at	1,5	CGI-12 protein
214683_s_at	1,5	qu78d12.x1 NCI_CGAP_Brn35 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1978199 3' similar to SW:CLK1_HUMAN P49759 PROTEIN KINASE CLK1 ;, mRNA sequence.
221073_s_at	1,5	Caspase recruitment domain 4
220808_at	1,5	Testicular haploid expressed gene
208839_s_at	1,5	TBP-interacting protein
213452_at	1,5	tw74g05.x1 NCI_CGAP_Ut3 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2265464 3' similar to TR:O60792 O60792 B34I8.1 ;, mRNA sequence.
212424_at	1,5	KIAA0185 protein
207177_at	1,5	Prostaglandin F receptor (FP)
219550_at	1,5	Hypothetical protein FLJ21044 similar to Rbig1
212533_at	1,5	Wee1+ (S. pombe) homolog
206763_at	1,5	FK506-binding protein 6 (36kD)
219493_at	1,5	Hypothetical protein FLJ22009
202718_at	1,5	Insulin-like growth factor binding protein 2 (36kD)
220892_s_at	1,5	Phosphoserine aminotransferase
201294_s_at	1,5	DKFZP564A122 protein
205442_at	1,5	KIAA0626 gene product
205515_at	1,5	Protease, serine, 12 (neutrypsin, motopsin)

ID	cf	Gen
216379_x_at	1,5	KIAA1919 protein
204094_s_at	1,5	KIAA0669 gene product
205186_at	1,5	Dynein, axonemal, light intermediate polypeptide
216594_x_at	1,5	Aldo-keto reductase family 1, member C1 (dihydrodiol dehydrogenase 1; 20-alpha (3-alpha)-hydroxysteroid dehydrogenase)
216594_x_at	1,5	Aldo-keto reductase family 1, member C1 (dihydrodiol dehydrogenase 1; 20-alpha (3-alpha)-hydroxysteroid dehydrogenase)
203560_at	1,5	Gamma-glutamyl hydrolase (conjugase, folylpolyglutamyl hydrolase)
221390_s_at	1,5	Hypothetical protein FLJ20126
217041_at	1,5	Neuronal pentraxin receptor
217041_at	1,5	Neuronal pentraxin receptor
211382_s_at	1,5	Transforming, acidic coiled-coil containing protein 2
221765_at	1,5	602272760F1 NIH_MGC_84 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4360767 5', mRNA sequence.
220257_x_at	1,5	Nuclear RNA export factor 2
202581_at	1,5	Heat shock 70kD protein 1B
219187_at	1,5	FK506-binding protein like
221531_at	1,5	Recombination protein REC14
221531_at	1,5	Recombination protein REC14
218849_s_at	1,5	RelA-associated inhibitor
218779_x_at	1,5	Hypothetical protein FLJ20258
222018_at	1,5	wt75f11.x1 Soares_thymus_NHFTth Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2513325 3' similar to TR:Q13765 Q13765 NASCENT POLYPEPTIDE ASSOCIATED COMPLEX ALPHA SUBUNIT. ;, mRNA sequence.
210155_at	1,5	Myocilin, trabecular meshwork inducible glucocorticoid response
219316_s_at	1,5	Hypothetical protein FLJ20371
214016_s_at	1,5	AL558875 LTI_NFL008_TC2 Homo sapiens cDNA clone CS0DJ015YJ02 5 prime, mRNA sequence.
221617_at	1,5	TAF9-like RNA polymerase II, TATA box binding protein (TBP)-associated factor, 31 kD
219238_at	1,5	Hypothetical protein FLJ20477
215856_at	1,5	SEE ALSO
201326_at	1,5	601304610F1 NIH_MGC_39 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3639098 5', mRNA sequence.
207941_s_at	1,5	Splicing factor (CC1.3)
201656_at	1,5	Integrin, alpha 6
205872_x_at	1,5	Similar to rat myomegalin
204622_x_at	1,5	Nuclear receptor subfamily 4, group A, member 2
203169_at	1,5	KIAA0258 gene product
209071_s_at	1,5	Regulator of G-protein signalling 5
204655_at	1,5	Small inducible cytokine A5 (RANTES)
213074_at	1,5	602573042F1 NIH_MGC_77 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4701250 5', mRNA sequence.
219688_at	1,5	Hypothetical protein FLJ10715
202328_s_at	1,5	Polycystic kidney disease 1 (autosomal dominant)
215978_x_at	1,5	SEE ALSO
211695_x_at	1,5	Mucin 1, transmembrane
204285_s_at	1,5	wk95g09.x1 NCI_CGAP_Lu19 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2423200 3', mRNA sequence.
203049_s_at	1,5	KIAA0372 gene product
206022_at	1,4	Norrie disease (pseudoglioma)
212945_s_at	1,4	hy16a07.x1 NCI_CGAP_GC6 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3197460 3', mRNA sequence.
207733_x_at	1,4	RuvB (E coli homolog)-like 1
207733_x_at	1,4	RuvB (E coli homolog)-like 1
214464_at	1,4	Ser-Thr protein kinase related to the myotonic dystrophy protein kinase
212582_at	1,4	KIAA1451 protein
201137_s_at	1,4	Major histocompatibility complex, class II, DP beta 1
203651_at	1,4	Endosome-associated FYVE-domain protein
219972_s_at	1,4	Hypothetical protein FLJ12799
214494_s_at	1,4	Cell matrix adhesion regulator
205888_s_at	1,4	wq55a09.x1 NCI_CGAP_GC6 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2475160 3' similar to TR:O60302 O60302 KIAA0555 PROTEIN. ;, mRNA sequence.
201669_s_at	1,4	gb:NM_002356.4 /DEF=Homo sapiens myristoylated alanine-rich protein kinase C substrate (MARCKS, 80K-L) (MACS), mRNA. /FEA=mRNA /GEN=MACS /PROD=myristoylated alanine-rich protein kinase Csubstrate /DB_XREF=gi:11125771 /UG=Hs.75607 myristoylated alanine-ri
204353_s_at	1,4	Protection of telomeres 1
222107_x_at	1,4	601150246F1 NIH_MGC_19 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3503003 5', mRNA sequence.
209632_at	1,4	Protein phosphatase 2 (formerly 2A), regulatory subunit B" (PR 72), alpha isoform and (PR 130), beta isoform
218859_s_at	1,4	HDCMC28P protein
219487_at	1,4	Hypothetical protein FLJ23560
206044_s_at	1,4	V-raf murine sarcoma viral oncogene homolog B1
216177_at	1,4	QV0-ST0215-060100-083-c06 ST0215 Homo sapiens cDNA, mRNA sequence.
211751_at	1,4	Similar to rat myomegalin
212617_at	1,4	KIAA0295 protein
221750_at	1,4	602326096F1 NIH_MGC_90 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4414319 5', mRNA sequence.
209910_at	1,4	Solute carrier family 25 (mitochondrial carrier; Graves disease autoantigen), member 16
203152_at	1,4	Nuclear localization signal deleted in velocardiofacial syndrome
206635_at	1,4	Cholinergic receptor, nicotinic, beta polypeptide 2 (neuronal)
214045_at	1,4	7k09c01.x1 NCL_CGAP_GC6 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3443712 3' similar to TR:Q9VPF7 Q9VPF7 CG5231 PROTEIN. ;, mRNA sequence.
220591_s_at	1,4	Hypothetical protein FLJ22843
203868_s_at	1,4	Vascular cell adhesion molecule 1
201466_s_at	1,4	V-jun avian sarcoma virus 17 oncogene homolog

ID	cf	Gen
221027_s_at	1,4	Group XII secreted phospholipase A2
221158_at	1,4	Chromosome 21 open reading frame 66
201148_s_at	1,4	Tissue inhibitor of metalloproteinase 3 (Sorsby fundus dystrophy, pseudoinflammatory)
204249_s_at	1,4	LIM domain only 2 (rhombotin-like 1)
211379_x_at	1,4	UDP-Gal:betaGlcNAc beta 1,3-galactosyltransferase, polypeptide 3
214330_at	1,4	Homolog of yeast ATP12
220698_at	1,4	Hypothetical protein MGC4294
210041_s_at	1,4	N-acetylglucosamine-phosphate mutase
202735_at	1,4	Emopamil-binding protein (sterol isomerase)
207082_at	1,4	Colony stimulating factor 1 (macrophage)
204762_s_at	1,4	7e36f10.x1 NCI_CGAP_Lu24 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3284587 3' similar to gb:j03004 GUANINE NUCLEOTIDE-BINDING PROTEIN G(I), ALPHA-2 SUBUNIT (HUMAN);, mRNA sequence.
215357_s_at	1,4	Hypothetical protein
209446_s_at	1,4	Hypothetical protein FLJ10803
209446_s_at	1,4	Hypothetical protein FLJ10803
208079_s_at	1,4	Serine/threonine kinase 6
212036_s_at	1,4	Pinin, desmosome associated protein
217060_at	1,4	SEE ALSO
207141_s_at	1,4	Potassium inwardly-rectifying channel, subfamily J, member 3
215199_at	1,4	AU147402 MAMMA1 Homo sapiens cDNA clone MAMMA1000567 3', mRNA sequence.
212354_at	1,4	wy80e01.x1 Soares_NSF_F8_9W_OT_PA_P_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2554872 3', mRNA sequence.
203533_s_at	1,4	Cullin 5
210077_s_at	1,4	Splicing factor, arginine/serine-rich 5
219278_at	1,4	Mitogen-activated protein kinase kinase kinase 6
207684_at	1,4	T-box 6
203303_at	1,4	T-complex-associated-testis-expressed 1-like
203840_at	1,4	Basic leucine zipper nuclear factor 1 (JEM-1)
204225_at	1,4	Histone deacetylase 4
209045_at	1,4	X-prolyl aminopeptidase (aminopeptidase P) 1, soluble
207819_s_at	1,4	ATP-binding cassette, sub-family B (MDR/TAP), member 4
205909_at	1,4	Polymerase (DNA directed), epsilon 2
222186_at	1,4	SEE ALSO
220777_at	1,4	Kinesin family member 13A
201048_x_at	1,4	RAB6A, member RAS oncogene family
37152_at	1,4	member of steroid hormone receptor superfamily; putative; Human peroxisome proliferator activated receptor mRNA, complete cds.
206850_at	1,4	RAS-related on chromosome 22
211715_s_at	1,4	3-hydroxybutyrate dehydrogenase (heart, mitochondrial)
219412_at	1,4	RAB38, member RAS oncogene family
214137_at	1,4	wf08e12.x1 Soares_NFL_T_GBC_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2350030 3' similar to SW:PTPJ_HUMAN Q12913 PROTEIN-TYROSINE PHOSPHATASE ETA PRECURSOR;, mRNA sequence.
214137_at	1,4	wf08e12.x1 Soares_NFL_T_GBC_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2350030 3' similar to SW:PTPJ_HUMAN Q12913 PROTEIN-TYROSINE PHOSPHATASE ETA PRECURSOR;, mRNA sequence.
201952_at	1,4	Activated leucocyte cell adhesion molecule
218750_at	1,4	Hypothetical protein MGC5306
214140_at	1,4	wf12c10.x1 Soares_NFL_T_GBC_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2350386 3' similar to gb:M31659 GRAVE'S DISEASE CARRIER PROTEIN (HUMAN);, mRNA sequence.
1405_i_at	1,4	T cell-specific protein precursor; Human T cell-specific protein (RANTES) mRNA, complete cds.
204916_at	1,4	Receptor (calcitonin) activity modifying protein 1
202534_x_at	1,4	Dihydrofolate reductase
203914_x_at	1,4	Hydroxyprostaglandin dehydrogenase 15-(NAD)
208479_at	1,4	Potassium voltage-gated channel, shaker-related subfamily, member 1 (episodic ataxia with myokymia)
209084_s_at	1,4	Replication factor C (activator 1) 1 (145kD)
209031_at	1,4	Immunoglobulin superfamily, member 4
211930_at	1,4	601443732F1 NIH_MGC_65 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3847926 5', mRNA sequence.
206813_at	1,4	Cardiotrophin 1
212344_at	1,4	wy80e01.x1 Soares_NSF_F8_9W_OT_PA_P_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2554872 3', mRNA sequence.
208647_at	1,4	ob11c12.s1 NCI_CGAP_Kid3 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1323382 3' similar to gb:L06105 FARNESYL-DIPHOSPHATE FARNESYLTRANSFERASE (HUMAN);, mRNA sequence.
208647_at	1,4	ob11c12.s1 NCI_CGAP_Kid3 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1323382 3' similar to gb:L06105 FARNESYL-DIPHOSPHATE FARNESYLTRANSFERASE (HUMAN);, mRNA sequence.
218899_s_at	1,4	Hypothetical protein FLJ12015
219836_at	1,4	Hypothetical protein MGC10796
212603_at	1,4	Mitochondrial ribosomal protein S31
217763_s_at	1,4	RAB31, member RAS oncogene family
204105_s_at	1,4	Neuronal cell adhesion molecule
209650_s_at	1,4	Chromosome 22 open reading frame 4
216088_s_at	1,4	Consensus includes gb:AL078633 /DEF=Human DNA sequence from clone RP5-1005F21 on chromosome 20 Contains three isoforms of the gene PSMA7 (proteasome (prosome, macropain) subunit, alpha type, 7), the gene HRH3 encoding the Histamine H3 receptor, the gene K
216658_at	1,4	SEE ALSO
202127_at	1,4	z119f02.s1 Soares_pregnant_uterus_NbHPU Homo sapiens cDNA clone IMAGE:502395 3', mRNA sequence.
212852_s_at	1,4	Sjogren syndrome antigen A2 (60kD, ribonucleoprotein autoantigen SS-A/Ro)
213357_at	1,4	AV701318 ADA Homo sapiens cDNA clone ADAAGD10 5', mRNA sequence.
215191_at	1,4	RC3-LT0023-200100-012-e08 LT0023 Homo sapiens cDNA, mRNA sequence.
218538_s_at	1,4	MRS2 (S. cerevisiae)-like, magnesium homeostasis factor
215417_at	1,4	tc19f04.x1 Soares_NhHMPu_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2064319 3', mRNA sequence.

ID	cf	Gen
213372_at	1,4	xj84a12.x1 Soares_NFL_T_GBC_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2663902 3', mRNA sequence.
219869_s_at	1,4	Up-regulated by BCG-CWS
205218_at	1,4	Polymerase (RNA) III (DNA directed) (39kD)
215888_at	1,4	SEE ALSO
202283_at	1,4	Serine (or cysteine) proteinase inhibitor, clade F (alpha-2 antiplasmin, pigment epithelium derived factor), member 1
213906_at	1,4	hf48e04.x1 Soares_NFL_T_GBC_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2935134 3', mRNA sequence.
205713_s_at	1,4	Cartilage oligomeric matrix protein (pseudoachondroplasia, epiphyseal dysplasia 1, multiple)
205195_at	1,4	Adaptor-related protein complex 1, sigma 1 subunit
214224_s_at	1,4	7d74a04.x1 NCI_CGAP_Lu24 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3278670 3' similar to WP:Y48C3A.S CE22150 ;, mRNA sequence.
205285_s_at	1,4	tt04g01.x1 NCI_CGAP_GC6 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2239824 3' similar to TR:O15117 O15117 FYN BINDING PROTEIN. [1] ;, mRNA sequence.
212981_s_at	1,4	602251923F1 NIH_MGC_84 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4344389 5', mRNA sequence.
214100_x_at	1,4	qu12a01.x1 NCI_CGAP_Ov23 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1964520 3', mRNA sequence.
211455_at	1,4	IFP38
215506_s_at	1,4	Ras homolog gene family, member I
213094_at	1,4	Hypothetical protein DKFZp564D0462
204641_at	1,4	NIMA (never in mitosis gene a)-related kinase 2
210947_s_at	1,4	MutS (E. coli) homolog 3
218125_s_at	1,4	Hypothetical protein FLJ10853
218901_at	1,4	Phospholipid scramblase 4
201449_at	1,4	TIA1 cytotoxic granule-associated RNA-binding protein
209023_s_at	1,4	Stromal antigen 2
205757_at	1,4	Ectonucleoside triphosphate diphosphohydrolase 5
211747_s_at	1,4	U6 snRNA-associated Sm-like protein
214967_at	1,4	AU146983 HEMBB1 Homo sapiens cDNA clone HEMBB1002049 3', mRNA sequence.
215095_at	1,4	AU145746 HEMBA1 Homo sapiens cDNA clone HEMBA1005679 3', mRNA sequence.
206247_at	1,4	MHC class I polypeptide-related sequence B
220558_x_at	1,4	Pan-hematopoietic expression
204932_at	1,4	7q56c10.x1 NCI_CGAP_Lu24 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3702163 3', mRNA sequence.
201150_s_at	1,4	Tissue inhibitor of metalloproteinase 3 (Sorsby fundus dystrophy, pseudoinflammatory)
215845_x_at	1,4	SEE ALSO
218992_at	1,4	Uncharacterized hematopoietic stem/progenitor cells protein MDS030
219631_at	1,4	Hypothetical protein FLJ12929
213000_at	1,4	partial CDS; Homo sapiens genomic DNA, chromosome 21q22.2, PCR fragment from BAC clone:KB739C11, CBR1-HLCS region.
201631_s_at	1,4	Immediate early response 3
216026_s_at	1,4	Polymerase (DNA directed), epsilon
203903_s_at	1,4	Hephaestin
205524_s_at	1,4	Cartilage linking protein 1
212984_at	1,4	601474273F1 NIH_MGC_68 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3877146 5', mRNA sequence.
220433_at	1,4	Transmembrane gamma-carboxyglutamic acid protein 3
221568_s_at	1,4	SEE ALSO
212233_at	1,4	AL523076 LTI_NFL003_NBC3 Homo sapiens cDNA clone CS0DC001Y112 3 prime, mRNA sequence.
210664_s_at	1,4	Tissue factor pathway inhibitor (lipoprotein-associated coagulation inhibitor)
220841_s_at	1,4	Hypothetical protein FLJ20069
209884_s_at	1,4	Solute carrier family 4, sodium bicarbonate cotransporter, member 7
211774_s_at	1,4	DKFZP564I122 protein
209451_at	1,4	TRAF family member-associated NFkB activator
216954_x_at	1,4	ATP synthase, H+ transporting, mitochondrial F1 complex, O subunit (oligomycin sensitivity conferring protein)
216954_x_at	1,4	ATP synthase, H+ transporting, mitochondrial F1 complex, O subunit (oligomycin sensitivity conferring protein)
219497_s_at	1,4	B-cell CLL/lymphoma 11A (zinc finger protein)
208794_s_at	1,4	SWI/SNF related, matrix associated, actin dependent regulator of chromatin, subfamily a, member 4
201936_s_at	1,4	Eukaryotic translation initiation factor 4 gamma, 3
207365_x_at	1,4	KIAA0570 gene product
206554_x_at	1,4	SET domain and mariner transposase fusion gene
200686_s_at	1,4	Splicing factor, arginine/serine-rich 11
215778_x_at	1,4	Homo sapiens MUC-B1 gene, partial, 5'end.
217317_s_at	1,4	D15F37 (pseudogene)
214124_x_at	1,4	DKFZp434B2027_s1 434 (synonym: htes3) Homo sapiens cDNA clone DKFZp434B2027 3', mRNA sequence.
217762_s_at	1,4	601476750F1 NIH_MGC_68 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3879493 5', mRNA sequence.
214782_at	1,4	AU155105 OVARC1 Homo sapiens cDNA clone OVARC1001000 3', mRNA sequence.
220349_s_at	1,4	Hypothetical protein FLJ21865
204807_at	1,4	7q84b07.x1 NCI_CGAP_Lu24 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3704797 3' similar to TR:Q9Y2B1 Q9Y2B1 TYPE II MEMBRANE PROTEIN. ;contains MER29.t2 MER29 repetitive element ;, mRNA sequence.
210799_at	1,4	5-hydroxytryptamine (serotonin) receptor 1B
217764_s_at	1,4	RAB31, member RAS oncogene family
218550_s_at	1,4	Hypothetical protein FLJ10751
205489_at	1,4	Crystallin, mu
200050_at	1,4	Zinc finger protein 146
206609_at	1,4	Melanoma antigen, family C, 1
205697_at	1,4	Secretagogin
204602_at	1,4	Dickkopf (Xenopus laevis) homolog 1
221935_s_at	1,4	Hypothetical protein FLJ13078
209240_at	1,4	O-linked N-acetylglucosamine (GlcNAc) transferase (UDP-N-acetylglucosamine:polypeptide-N-acetylglucosaminyl transferase)

ID	cf	Gen
215223_s_at	1,4	zc32c08.s1 Soares_senescent_fibroblasts_NbHSF Homo sapiens cDNA clone IMAGE:324014 3' similar to gb:X07834 SUPEROXIDE DISMUTASE PRECURSOR (HUMAN);, mRNA sequence.
207605_x_at	1,4	Zinc finger protein 117 (HPF9)
210924_at	1,4	Olfactomedin 1
219915_s_at	1,4	Hypothetical protein PRO0813
205648_at	1,4	Wingless-type MMTV integration site family member 2
212266_s_at	1,4	wz26h03.x1 Soares_Dieckgraefe_colon_NHCD Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2559221 3' similar to SW:SFR5_HUMAN Q13243 SPLICING FACTOR, ARGININE/SERINE-RICH 5 ;, mRNA sequence.
AFFX-HUMRGE/M10098_3_a t	1,4	M10098 Human 18S rRNA gene, complete (_5,_M,_3 represent transcript regions 5 prime, Middle, and 3 prime respectively)
AFFX-HUMRGE/M10098_3_a t	1,4	M10098 Human 18S rRNA gene, complete (_5,_M,_3 represent transcript regions 5 prime, Middle, and 3 prime respectively)
212720_at	1,4	602279884F1 NIH_MGC_86 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4367300 5', mRNA sequence.
219019_at	1,4	Leucine-rich and death domain containing
212364_at	1,4	Myosin IB
203417_at	1,4	Microfibrillar-associated protein 2
206315_at	1,4	Cytokine receptor-like factor 1
201335_s_at	1,4	Rho guanine exchange factor (GEF) 12
212633_at	1,4	UI-H-BW0-ajs-b-03-0-UI.s1 NCI_CGAP_Sub6 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2732860 3', mRNA sequence.
218775_s_at	1,4	Hypothetical protein FLJ22029
221845_s_at	1,4	tt14d09.x1 NCI_CGAP_GC6 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2240753 3' similar to SW:SKD3_MOUSE Q60649 SKD3 PROTEIN. ;, mRNA sequence.
201501_s_at	1,4	G-rich RNA sequence binding factor 1
204943_at	1,4	A disintegrin and metalloproteinase domain 12 (meltrin alpha)
218395_at	1,4	Hypothetical protein FLJ13433
201477_s_at	1,4	Ribonucleotide reductase M1 polypeptide
201177_s_at	1,4	SUMO-1 activating enzyme subunit 2
201974_s_at	1,4	CGI-43 protein
221328_at	1,4	Claudin 17
203088_at	1,4	Fibulin 5
213596_at	1,4	SEE ALSO
203210_s_at	1,4	Replication factor C (activator 1) 5 (36.5kD)
213327_s_at	1,4	wg56d12.x1 Soares_NSF_F8_9W_OT_PA_P_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2369111 3' similar to contains MIR.t1 MIR repetitive element ;, mRNA sequence.
217061_s_at	1,4	match to P50549 (PID:g1706717); H_DJ0685A02.1; Homo sapiens PAC clone RP4-685A2 from 7p21-p22, complete sequence.
217061_s_at	1,4	match to P50549 (PID:g1706717); H_DJ0685A02.1; Homo sapiens PAC clone RP4-685A2 from 7p21-p22, complete sequence.
204883_s_at	1,4	wt90g10.x1 NCI_CGAP_GC6 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2514786 3' similar to TR:O60921 O60921 HUS1+-LIKE PROTEIN. ;, mRNA sequence.
213931_at	1,4	wj42g05.x1 NCI_CGAP_Lu19 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2405528 3' similar to SW:ID2_HUMAN Q02363 DNA-BINDING PROTEIN INHIBITOR ID-2. [1] ;, mRNA sequence.
222329_x_at	1,4	EST386921 MAGE resequences, MAGN Homo sapiens cDNA, mRNA sequence.
213140_s_at	1,4	Synovial sarcoma translocation gene on chromosome 18-like 1
202614_at	1,4	Chromosome 4 open reading frame 1
209920_at	1,4	Bone morphogenetic protein receptor, type II (serine/threonine kinase)
208010_s_at	1,4	Protein tyrosine phosphatase, non-receptor type 22 (lymphoid)
222077_s_at	1,4	AU153848 NT2RP3 Homo sapiens cDNA clone NT2RP3004175 3', mRNA sequence.
215551_at	1,4	ov45e08.x1 Soares_testis_NHT Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1640294 3' similar to gb:M12674 ESTROGEN RECEPTOR (HUMAN);, mRNA sequence.
221156_x_at	1,4	Cell cycle progression 8 protein
209308_s_at	1,4	BCL2/adenovirus E1B 19kD-interacting protein 2
202733_at	1,4	Procollagen-proline, 2-oxoglutarate 4-dioxygenase (proline 4-hydroxylase), alpha polypeptide II
204023_at	1,4	Replication factor C (activator 1) 4 (37kD)
213517_at	1,4	xd36a02.x1 NCI_CGAP_Ov23 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2595818 3' similar to SW:ROX_MOUSE Q61990 PUTATIVE HETEROGENEOUS NUCLEAR RIBONUCLEOPROTEIN X ;, mRNA sequence.
221311_x_at	1,4	Hypothetical protein dJ12208.2
218976_at	1,4	J domain containing protein 1
214944_at	1,4	KIAA0931 protein
201195_s_at	1,4	Solute carrier family 7 (cationic amino acid transporter, y+ system), member 5
212530_at	1,4	SEE ALSO
204339_s_at	1,4	Regulator of G-protein signalling 4
215797_at	1,4	Consensus includes gb:AE000659 /DEF=Homo sapiens T-cell receptor alpha delta locus from bases 250472 to 501670 (section 2 of 5) of the Complete Nucleotide Sequence /FEA=CDS_2 /DB_XREF=gi:2358025 /UG=Hs.272470 Homo sapiens T-cell receptor alpha delta locus
206231_at	1,4	Potassium intermediate/small conductance calcium-activated channel, subfamily N, member 1
204485_s_at	1,4	Target of myb1 (chicken) homolog-like 1
204739_at	1,4	Centromere protein C 1
211360_s_at	1,4	Inositol 1,4,5-triphosphate receptor, type 2
210578_at	1,4	Tripartite motif-containing 10
217629_at	1,4	EST76509 Pineal gland II Homo sapiens cDNA 3' end, mRNA sequence.
217629_at	1,4	EST76509 Pineal gland II Homo sapiens cDNA 3' end, mRNA sequence.
211372_s_at	1,4	Interleukin 1 receptor, type II

ID	cf	Gen
218341_at	1,4	Hypothetical protein FLJ11838
218341_at	1,4	Hypothetical protein FLJ11838
200737_at	1,4	Phosphoglycerate kinase 1
201745_at	1,4	Protein tyrosine kinase 9
212449_s_at	1,4	602387785F1 NIH_MGC_93 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4516701 5', mRNA sequence.
216246_at	1,4	Ribosomal protein S20
201688_s_at	1,4	601680437F1 NIH_MGC_83 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3950697 5', mRNA sequence.
204636_at	1,4	Collagen, type XVII, alpha 1
200073_s_at	1,4	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein D (AU-rich element RNA-binding protein 1, 37kD)
206373_at	1,4	Zic family member 1 (odd-paired Drosophila homolog)
206082_at	1,4	MHC class I region ORF
213939_s_at	1,4	we28f04.x1 NCI_CGAP_Lu24 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2342431 3', mRNA sequence.
203743_s_at	1,4	Thymine-DNA glycosylase
209544_at	1,4	Receptor-interacting serine-threonine kinase 2
202303_x_at	1,4	SWI/SNF related, matrix associated, actin dependent regulator of chromatin, subfamily a, member 5
37577_at	1,4	Human clone 23719 mRNA sequence.
205657_at	1,4	3-hydroxyanthranilate 3,4-dioxygenase
212294_at	1,4	602285343F1 NIH_MGC_86 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4372619 5', mRNA sequence.
204444_at	1,4	Kinesin-like 1
212905_at	1,4	nae13f03.x1 NCI_CGAP_Ov18 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3435388 3' similar to TR:O75174 O75174 KIAA0689 PROTEIN ;, mRNA sequence.
AFFX-r2-Hs28SrRNA-M_at	1,4	Human 28S ribosomal RNA gene.
205925_s_at	1,4	RAB3B, member RAS oncogene family
220800_s_at	1,4	Tropomodulin 3 (ubiquitous)
215057_at	1,4	SEE ALSO
209823_x_at	1,4	Major histocompatibility complex, class II, DQ beta 1
216941_s_at	1,4	TATA box binding protein (TBP)-associated factor, RNA polymerase I, B, 63kD
211713_x_at	1,4	KIAA0101 gene product
210074_at	1,4	Cathepsin L2
208089_s_at	1,4	Hypothetical protein FLJ21007
210557_x_at	1,4	Colony stimulating factor 1 (macrophage)
203862_s_at	1,4	Actinin, alpha 2
221735_at	1,4	yj10g11.s1 Soares_placenta_Nb2HP Homo sapiens cDNA clone IMAGE:148388 3', mRNA sequence.
217863_at	1,4	DEAD/H (Asp-Glu-Ala-Asp/His) box binding protein 1
206114_at	1,4	EphA4
205955_at	1,4	Hypothetical protein FLJ11136
213069_at	1,4	qc69c01.x1 Soares_placenta_8to9weeks_2NbHP8to9W Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1714848 3', mRNA sequence.
215695_s_at	1,4	Glycogenin 2
206216_at	1,4	Serine/threonine kinase 23
214707_x_at	1,4	KIAA0328 protein
204118_at	1,4	CD48 antigen (B-cell membrane protein)
216038_x_at	1,4	601659774R1 NIH_MGC_70 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3896034 3', mRNA sequence.
203708_at	1,4	Phosphodiesterase 4B, cAMP-specific (dunce (Drosophila)-homolog phosphodiesterase E4)
218435_at	1,4	DNAJ domain-containing
220545_s_at	1,4	Testis-specific kinase substrate
205317_s_at	1,4	Solute carrier family 15 (H ⁺ /peptide transporter), member 2
209473_at	1,4	AV717590 DCB Homo sapiens cDNA clone DCBCFE01 5', mRNA sequence.
218442_at	1,4	Tetratricopeptide repeat domain 4
218442_at	1,4	Tetratricopeptide repeat domain 4
212565_at	1,4	KIAA0965 protein
207660_at	1,4	Dystrophin (muscular dystrophy, Duchenne and Becker types), includes DXS142, DXS164, DXS206, DXS230, DXS239, DXS268, DXS269, DXS270, DXS272
212179_at	1,4	DKFZP564B0769 protein
202166_s_at	1,4	Protein phosphatase 1, regulatory (inhibitor) subunit 2
214578_s_at	1,4	AV683882 GKC Homo sapiens cDNA clone GKCAIC05 5', mRNA sequence.
207598_x_at	1,4	X-ray repair complementing defective repair in Chinese hamster cells 2
201450_s_at	1,4	TIA1 cytotoxic granule-associated RNA-binding protein
203507_at	1,4	CD68 antigen
213314_at	1,4	Hypothetical protein DKFZp586E1923
215582_x_at	1,4	SEE ALSO
215600_x_at	1,4	SEE ALSO
212598_at	1,4	wf27d05.x1 Soares_NFL_T_GBC_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2356809 3', mRNA sequence.
48825_at	1,4	oi13d10.s1 NCI_CGAP_GC4 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1476403 3' similar to TR:O00532 O00532 P33ING1. ;, mRNA sequence.
212255_s_at	1,4	ATPase, Ca ⁺⁺ transporting, type 2C, member 1
209314_s_at	1,4	HBS1 (S. cerevisiae)-like
213626_at	1,4	SEE ALSO
219109_at	1,4	Hypothetical protein FLJ22724
201088_at	1,4	Karyopherin alpha 2 (RAG cohort 1, importin alpha 1)
212824_at	1,4	Far upstream element (FUSE) binding protein 3
212928_at	1,4	Consensus includes gb:AL050331 /DEF=Human DNA sequence from clone 48613 on chromosome 6q22.1-22.3. Contains the part of a gene for a novel protein, the gene for KIAA0721 (NAP (Nucleosome Assembly Protein) domain containing protein), the TSPYL gene for TSPY-
213930_at	1,4	yy72e03.s1 Soares_multiple_sclerosis_2NbHMSP Homo sapiens cDNA clone IMAGE:279100 3', mRNA sequence.

ID	cf	Gen
216046_at	1,4	SEE ALSO
221113_s_at	1,4	Wingless-type MMTV integration site family, member 16
218043_s_at	1,4	Hypothetical protein FLJ21939 similar to 5-azacytidine induced gene 2
209898_x_at	1,4	SEE ALSO
213741_s_at	1,4	602135301F1 NIH_MGC_81 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4290312 5', mRNA sequence.
203203_s_at	1,4	HIV-1 rev binding protein 2
201296_s_at	1,4	DKFZP564A122 protein
217693_x_at	1,4	hd19g06.x1 Soares_NFL_T_GBC_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2910010 3' similar to SW:MGN_CAEEL P49029 MAGO NASHI PROTEIN HOMOLOG ;, mRNA sequence.
200599_s_at	1,4	Tumor rejection antigen (gp96) 1
211905_s_at	1,4	Integrin, beta 4
213226_at	1,4	qp50c06.x1 NCI_CGAP_Co8 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1926442 3', mRNA sequence.
203952_at	1,4	Activating transcription factor 6
210751_s_at	1,4	Regucalcin (senescence marker protein-30)
202666_s_at	1,4	BAF53
204349_at	1,4	Cofactor required for Sp1 transcriptional activation, subunit 9 (33kD)
201801_s_at	1,4	Solute carrier family 29 (nucleoside transporters), member 1
217998_at	1,4	nm82d08.s1 NCI_CGAP_Co9 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1074735 3', mRNA sequence.
217998_at	1,4	nm82d08.s1 NCI_CGAP_Co9 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1074735 3', mRNA sequence.
201337_s_at	1,4	Vesicle-associated membrane protein 3 (cellubrevin)
219691_at	1,4	Hypothetical protein FLJ20073
220524_at	1,4	Hypothetical protein FLJ21596
206316_s_at	1,4	Rough Deal (Drosophila) homolog, centromere/kinetochore protein
214859_at	1,4	tz80d11.x1 NCI_CGAP_Pan1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2294901 3', mRNA sequence.
203804_s_at	1,4	Acid-inducible phosphoprotein
215190_at	1,4	AV717062 DCB Homo sapiens cDNA clone DCBCEG06 5', mRNA sequence.
205613_at	1,4	B/K protein
203759_at	1,4	Sialyltransferase 4C (beta-galactosidase alpha-2,3-sialyltransferase)
218521_s_at	1,4	Hypothetical protein FLJ11011
219553_at	1,4	NME7
218085_at	1,4	gb:NM_015961.1 /DEF=Homo sapiens CGI-34 protein (LOC51612), mRNA. /FEA=mRNA /GEN=LOC51612 /PROD=CGI-34 protein /DB_XREF=gi:7706273 /UG=Hs.36237 CGI-34 protein /FL=gb:AF275810.1 gb:AF132968.1 gb:NM_015961.1
213908_at	1,4	wj35h06.x1 NCI_CGAP_Kid12 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2404859 3' similar to contains OFR.t1 OFR repetitive element ;, mRNA sequence.
202558_s_at	1,4	Stress 70 protein chaperone, microsome-associated, 60kD
219563_at	1,4	Hypothetical protein FLJ21276
219947_at	1,4	C-type (calcium dependent, carbohydrate-recognition domain) lectin, superfamily member 6
57516_at	1,4	oa56b11.r1 NCI_CGAP_GCB1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1308957 5' similar to gb:L27670 Human Landsteiner-Wiener blood group glycoprotein (HUMAN);contains element MER1 repetitive element ;, mRNA sequence.
211323_s_at	1,4	Inositol 1,4,5-triphosphate receptor, type 1
202888_s_at	1,4	Alanyl (membrane) aminopeptidase (aminopeptidase N, aminopeptidase M, microsomal aminopeptidase, CD13, p150)
209168_at	1,4	Glycoprotein M6B
204749_at	1,4	Nucleosome assembly protein 1-like 3
209566_at	1,4	Insulin induced protein 2
220076_at	1,4	Ankylosis, progressive (mouse) homolog
205120_s_at	1,4	Sarcoglycan, beta (43kD dystrophin-associated glycoprotein)
213122_at	1,4	qb91e08.x1 Soares_fetal_heart_NbHH19W Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1707494 3', mRNA sequence.
209466_x_at	1,4	Pleiotrophin (heparin binding growth factor 8, neurite growth-promoting factor 1)
201790_s_at	1,4	xg42f09.x1 NCI_CGAP_U11 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2630249 3' similar to TR:O60717 O60717 7-DEHYDROCHOLESTEROL REDUCTASE ;, mRNA sequence.
201663_s_at	1,4	SMC4 (structural maintenance of chromosomes 4, yeast)-like 1
218446_s_at	1,4	CGI-148 protein
218446_s_at	1,4	CGI-148 protein
217959_s_at	1,4	PTD009 protein
209707_at	1,4	Phosphatidylinositol glycan, class K
210184_at	1,4	Integrin, alpha X (antigen CD11C (p150), alpha polypeptide)
207386_at	1,4	Cytochrome P450, subfamily VIIIB (oxysterol 7 alpha-hydroxylase), polypeptide 1
203380_x_at	1,4	Splicing factor, arginine/serine-rich 5
218696_at	1,4	Eukaryotic translation initiation factor 2-alpha kinase 3
211594_s_at	1,4	Mitochondrial ribosomal protein L9
217945_at	1,4	BTB (POZ) domain containing 1
220544_at	1,4	Testis-specific kinase substrate
200690_at	1,4	om72d09.s1 NCI_CGAP_GC4 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1552721 3', mRNA sequence.
205075_at	1,4	Serine (or cysteine) proteinase inhibitor, clade F (alpha-2 antiplasmin, pigment epithelium derived factor), member 2
214081_at	1,4	Tumor endothelial marker 7 precursor
218350_s_at	1,4	Geminin
203377_s_at	1,4	Pre-mRNA splicing factor 17
209814_at	1,4	Nucleolar cysteine-rich protein
200033_at	1,4	DEAD/H (Asp-Glu-Ala-Asp/His) box polypeptide 5 (RNA helicase, 68kD)
216315_x_at	1,4	Ubiquitin-conjugating enzyme E2 variant 1
211656_x_at	1,4	gb:M32577.1 /DEF=Human MHC HLA-DQ beta mRNA, complete cds. /FEA=mRNA /GEN=HLA-DQB1 /DB_XREF=gi:188194 /FL=gb:M32577.1
209597_s_at	1,4	Paraneoplastic antigen MA2
221604_s_at	1,4	Peroxisomal biogenesis factor 16
209082_s_at	1,4	Collagen, type XVIII, alpha 1

ID	cf	Gen
214214_s_at	1,4	AU151801 NT2RP2 Homo sapiens cDNA clone NT2RP2006128 3', mRNA sequence.
218241_at	1,4	Golgi autoantigen, golgin subfamily a, 5
212141_at	1,4	Minichromosome maintenance deficient (S. cerevisiae) 4
212275_s_at	1,4	Snf2-related CBP activator protein
214135_at	1,4	7b56b11.x1 NCI_CGAP_Lu24 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3232221 3', mRNA sequence.
214366_s_at	1,4	ou44g05.s1 Soares_NFL_T_GBC_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1629176 3' similar to gb:j03600 ARACHIDONATE 5-LIPOXYGENASE (HUMAN);, mRNA sequence.
210589_s_at	1,4	SEE ALSO
209135_at	1,4	Aspartate beta-hydroxylase
218434_s_at	1,4	Hypothetical protein FLJ12389 similar to acetoacetyl-CoA synthetase
214805_at	1,4	SEE ALSO
216877_at	1,4	SEE ALSO
216877_at	1,4	SEE ALSO
217960_s_at	1,4	Mitochondrial import receptor Tom22
201091_s_at	1,4	601571933T1 NIH_MGC_55 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3838737 3', mRNA sequence.
215019_x_at	1,4	xy11f01.x1 NCI_CGAP_Lym12 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2852857 3' similar to contains Alu repetitive element;, mRNA sequence.
204077_x_at	1,4	Lysosomal apyrase-like 1
220292_at	1,4	Hypothetical protein MGC4179
209430_at	1,4	BTAF1 RNA polymerase II, B-TFIID transcription factor-associated, 170 kD (Mot1 homolog, S. cerevisiae)
220334_at	1,4	Regulator of G-protein signalling 17
219501_at	1,4	Hypothetical protein FLJ10094
200889_s_at	1,4	ov30e10.x1 Soares_testis_NHT Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1638858 3' similar to SW:SSRA_RABIT P53815 TRANSLOCON-ASSOCIATED PROTEIN, ALPHA SUBUNIT PRECURSOR ;, mRNA sequence.
208956_x_at	1,4	DUTP pyrophosphatase
201022_s_at	1,4	Destrin (actin depolymerizing factor)
204761_at	1,4	Related to the N terminus of tre
220329_s_at	1,4	Hypothetical protein FLJ20627
221405_at	1,4	Neutral sphingomyelinase
206441_s_at	1,4	Hypothetical protein FLJ20452
209745_at	1,4	Coenzyme Q, 7 (rat, yeast) homolog
218801_at	1,4	UDP-glucose ceramide glucosyltransferase-like 2
205644_s_at	1,4	Small nuclear ribonucleoprotein polypeptide G
211527_x_at	1,4	Vascular endothelial growth factor
206388_at	1,4	Phosphodiesterase 3A, cGMP-inhibited
212157_at	1,4	Syndecan 2 (heparan sulfate proteoglycan 1, cell surface-associated, fibroglycan)
204955_at	1,4	Sushi-repeat-containing protein, X chromosome
216531_at	1,4	SEE ALSO
203661_s_at	1,4	Tropomodulin
201661_s_at	1,4	Fatty-acid-Coenzyme A ligase, long-chain 3
216212_s_at	1,4	Homo sapiens DKC1 gene, exons 1 to 11.
216650_at	1,4	match: proteins Q95281 P47915 P47914 P05747 P25886 Q24154 Q92366; RPL29 pseudogene; Human DNA sequence from PAC 130G2 on chromosome 6p22.2-22.3. Contains ribosomal protein L29 pseudogene, ESTs and STSs.
204004_at	1,4	qt44e12.x1 Soares_fetal_lung_NbHL19W Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1950862 3' similar to contains Alu repetitive element;, mRNA sequence.
212542_s_at	1,4	7q84c02.x1 NCI_CGAP_Lu24 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3704835 3', mRNA sequence.
39582_at	1,4	Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp586D1122 (from clone DKFZp586D1122).
202345_s_at	1,4	Fatty acid binding protein 5 (psoriasis-associated)
213338_at	1,4	7h62h07.x1 NCI_CGAP_Co16 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3320605 3', mRNA sequence.
207387_s_at	1,4	Glycerol kinase
203095_at	1,4	Mitochondrial translational initiation factor 2
219957_at	1,4	Hypothetical protein FLJ10063
214028_x_at	1,4	AU156998 PLACE1 Homo sapiens cDNA clone PLACE1005639 3', mRNA sequence.
206628_at	1,4	Solute carrier family 5 (sodium/glucose cotransporter), member 1
211362_s_at	1,4	Serine (or cysteine) proteinase inhibitor, clade B (ovalbumin), member 13
213463_s_at	1,4	KIAA0974 protein
214643_x_at	1,4	602302516F1 NIH_MGC_87 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4404314 5', mRNA sequence.
218211_s_at	1,4	Melanophilin
218211_s_at	1,4	Melanophilin
218211_s_at	1,4	Melanophilin
201849_at	1,4	BCL2/adenovirus E1B 19kD-interacting protein 3
220370_s_at	1,4	KIAA1453 protein
214715_x_at	1,4	KRAB zinc finger protein KR18
220661_s_at	1,4	Hypothetical protein FLJ20531
211924_s_at	1,4	Plasminogen activator, urokinase receptor
217715_x_at	1,4	hn26h02.x1 NCI_CGAP_Thy7 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3023283 3' similar to contains Alu repetitive element;, mRNA sequence.
204424_s_at	1,4	Neuronal specific transcription factor DAT1
216524_x_at	1,4	SEE ALSO
221883_at	1,4	zn92h03.s1 Stratagene lung carcinoma 937218 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:565685 3', mRNA sequence.
211764_s_at	1,4	Ubiquitin-conjugating enzyme E2D 1 (homologous to yeast UBC4/5)
202478_at	1,4	GS3955 protein
211260_at	1,4	Bone morphogenetic protein 7 (osteogenic protein 1)
204399_s_at	1,4	Microtubule-associated protein like echinoderm EMAP
202133_at	1,4	zn32h12.s1 Stratagene endothelial cell 937223 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:549191 3', mRNA sequence.
213543_at	1,4	nk62f11.s1 NCI_CGAP_Sch1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1018125 3', mRNA sequence.

ID	cf	Gen
213543_at	1,4	nk62f11.s1 NCI_CGAP_Sch1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1018125 3', mRNA sequence.
200996_at	1,4	ARP3 (actin-related protein 3, yeast) homolog
216321_s_at	1,4	Nuclear receptor subfamily 3, group C, member 1
208712_at	1,4	Cyclin D1 (PRAD1: parathyroid adenomatosis 1)
215637_at	1,4	AU155621 PLACE1 Homo sapiens cDNA clone PLACE1000444 3', mRNA sequence.
212220_at	1,4	KIAA0077 protein
203374_s_at	1,4	hg99b11.x1 NCI_CGAP_Kid11 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2953725 3' similar to gb:M73047 TRIPEPTIDYL-PEPTIDASE II (HUMAN);, mRNA sequence.
203020_at	1,4	KIAA0471 gene product
203000_at	1,4	602287358T1 NIH_MGC_96 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4374495 3', mRNA sequence.
208039_at	1,4	Solute carrier family 9 (sodium/hydrogen exchanger), isoform 2
220576_at	1,4	Hypothetical protein FLJ12377
217936_at	1,4	wy78c11.x1 Soares_NSF_F8_9W_OT_PA_P_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2554676 3', mRNA sequence.
204774_at	1,4	Ecotropic viral integration site 2A
204564_at	1,4	Ring finger protein 3
205898_at	1,4	Chemokine (C-X3-C) receptor 1
217741_s_at	1,4	xv13g08.x1 Soares_NFL_T_GBC_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2813054 3' similar to TR:O76080 O76080 ZINC FINGER PROTEIN 216. ;, mRNA sequence.
201485_s_at	1,4	Reticulocalbin 2, EF-hand calcium binding domain
217052_x_at	1,4	EXPRESSION INFORMATION
206662_at	1,4	Glutaredoxin (thioltransferase)
208030_s_at	1,4	gb:Nm_001119.2 /DEF=Homo sapiens adducin 1 (alpha) (ADD1), transcript variant 1, mRNA. /FEA=mRNA /GEN=ADD1 /PROD=adducin 1 (alpha) isoform a /DB_XREF=gi:7710113 /FL=gb:Nm_001119.2
221332_at	1,4	Bone morphogenetic protein 15
219173_at	1,4	Hypothetical protein FLJ22686
215958_at	1,4	SEE ALSO
201777_s_at	1,4	KIAA0494 gene product
222294_s_at	1,4	EST383504 MAGE resequences, MAGL Homo sapiens cDNA, mRNA sequence.
215819_s_at	1,4	yv60b12.s1 Soares fetal liver spleen 1NFLS Homo sapiens cDNA clone IMAGE:247103 3' similar to gb:X54534 BLOOD GROUP RH(D) POLYPEPTIDE (HUMAN);, mRNA sequence.
216407_at	1,4	Tax1 (human T-cell leukemia virus type I) binding protein 1
216609_at	1,4	SEE ALSO
221963_x_at	1,4	7h15a06.x1 NCI_CGAP_Co16 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3316018 3' similar to contains Alu repetitive element;, mRNA sequence.
221963_x_at	1,4	7h15a06.x1 NCI_CGAP_Co16 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3316018 3' similar to contains Alu repetitive element;, mRNA sequence.
209399_at	1,4	Holocarboxylase synthetase (biotin-[proprionyl-Coenzyme A-carboxylase (ATP-hydrolysing)] ligase)
210002_at	1,4	GATA-binding protein 6
210002_at	1,4	GATA-binding protein 6
219785_s_at	1,4	Hypothetical protein FLJ22477
220158_at	1,4	Placental protein 13-like protein
207466_at	1,4	Galanin-related peptide
218940_at	1,4	Hypothetical protein FLJ13920
214151_s_at	1,4	AU144243 HEMBA1 Homo sapiens cDNA clone HEMBA1001328 3', mRNA sequence.
220235_s_at	1,4	Hypothetical protein FLJ11269
211580_s_at	1,4	Phosphoinositide-3-kinase, regulatory subunit, polypeptide 3 (p55, gamma)
204146_at	1,4	601660074R1 NIH_MGC_71 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3905635 3', mRNA sequence.
201435_s_at	1,4	Eukaryotic translation initiation factor 4E
201435_s_at	1,4	Eukaryotic translation initiation factor 4E
206159_at	1,4	Growth differentiation factor 10
206385_s_at	1,4	Ankyrin 3, node of Ranvier (ankyrin G)
217829_s_at	1,4	SnRNP assembly defective 1 homolog
206674_at	1,4	Fms-related tyrosine kinase 3
210007_s_at	1,4	Glycerol-3-phosphate dehydrogenase 2 (mitochondrial)
202728_s_at	1,4	wr80e09.x1 NCI_CGAP_Ut1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2494024 3' similar to gb:M34057 TRANSFORMING GROWTH FACTOR BETA-1 BINDING PROTEIN (HUMAN);, mRNA sequence.
212426_s_at	1,4	601458002F1 NIH_MGC_66 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3861457 5', mRNA sequence.
204571_x_at	1,4	601587854F1 NIH_MGC_7 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3942276 5', mRNA sequence.
218018_at	1,4	Hypothetical protein FLJ21324
220466_at	1,4	Hypothetical protein FLJ13215
206792_x_at	1,4	Phosphodiesterase 4C, cAMP-specific (dunce (Drosophila)-homolog phosphodiesterase E1)
202178_at	1,4	Protein kinase C, zeta
209272_at	1,4	NGFI-A binding protein 1 (EGR1 binding protein 1)
212847_at	1,4	DKFZp564N1963_s1 564 (synonym: hfbr2) Homo sapiens cDNA clone DKFZp564N1963 3', mRNA sequence.
213879_at	1,4	wr07a04.x1 NCI_CGAP_GC6 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2480814 3' similar to SW:SM32_HUMAN P55855 UBIQUITIN-LIKE PROTEIN SMT3B ;, mRNA sequence.
214719_at	1,4	SEE ALSO
221508_at	1,4	STE20-like kinase
209460_at	1,4	NPD009 protein
216268_s_at	1,4	Jagged 1 (Alagille syndrome)
213469_at	1,4	AV705244 ADB Homo sapiens cDNA clone ADBAHF09 5', mRNA sequence.
208238_x_at	1,4	Leucine zipper-like protein
209303_at	1,4	NADH dehydrogenase (ubiquinone) Fe-S protein 4 (18kD) (NADH-coenzyme Q reductase)
203856_at	1,4	Vaccinia related kinase 1
202504_at	1,4	Tripartite motif-containing 29
202909_at	1,4	KIAA0766 gene product

ID	cf	Gen
204832_s_at	1,4	Bone morphogenetic protein receptor, type IA
205943_at	1,4	Tryptophan 2,3-dioxygenase
211916_s_at	1,4	Myosin IA
214002_at	1,4	zv35a09.s1 Soares ovary tumor NbHOT Homo sapiens cDNA clone IMAGE:755608 3' similar to gb:M22918 MYOSIN LIGHT CHAIN ALKALI, SMOOTH-MUSCLE ISOFORM (HUMAN);, mRNA sequence.
213793_s_at	1,4	7a25f02.x1 NCI_CGAP_GC6 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3219771 3' similar to TR:O96003 O96003 SYN47 PROTEIN.;, mRNA sequence.
211352_s_at	1,4	Nuclear receptor coactivator 3
209657_s_at	1,4	Heat shock transcription factor 2
220715_at	1,4	Hypothetical protein FLJ12547
206178_at	1,4	Phospholipase A2, group V
218397_at	1,4	Hypothetical protein FLJ10335
217397_at	1,4	Consensus includes gb:AE000659 /DEF=Homo sapiens T-cell receptor alpha delta locus from bases 250472 to 501670 (section 2 of 5) of the Complete Nucleotide Sequence /FEA=CDS_1 /DB_XREF=gi:2358025 /UG=Hs.272469 Homo sapiens T-cell receptor alpha delta locus
217397_at	1,4	Consensus includes gb:AE000659 /DEF=Homo sapiens T-cell receptor alpha delta locus from bases 250472 to 501670 (section 2 of 5) of the Complete Nucleotide Sequence /FEA=CDS_1 /DB_XREF=gi:2358025 /UG=Hs.272469 Homo sapiens T-cell receptor alpha delta locus
201844_s_at	1,4	zd89h07.s1 Soares_fetal_heart_NbHH19W Homo sapiens cDNA clone IMAGE:356701 3', mRNA sequence.
209146_at	1,4	AV704962 ADB Homo sapiens cDNA clone ADBALE09 5', mRNA sequence.
203366_at	1,4	Polymerase (DNA directed), gamma
221125_s_at	1,4	Potassium large conductance calcium-activated channel, subfamily M beta member 3
219119_at	1,4	U6 snRNA-associated Sm-like protein LSm8
215529_x_at	1,4	tr75d05.x1 NCI_CGAP_Pan1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2224137 3' similar to contains Alu repetitive element;, mRNA sequence.
222109_at	1,4	nk38h06.s1 NCI_CGAP_GC2 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1015835 3' similar to contains Alu repetitive element;contains element MER14 repetitive element ;, mRNA sequence.
214073_at	1,4	602491364F1 NIH_MGC_20 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4620519 5', mRNA sequence.
206715_at	1,4	Transcription factor EC
219303_at	1,4	Hypothetical protein FLJ13449
219752_at	1,4	RAS protein activator like 1 (GAP1 like)
209596_at	1,4	DKFZP564I1922 protein
213896_x_at	1,4	7f64b02.x1 Soares_NSF_F8_9W_OT_PA_P_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3299403 3' similar to TR:Q9Y2I0 Q9Y2I0 KIAA0974 PROTEIN ;, mRNA sequence.
209450_at	1,4	Hypothetical protein FLJ20411
217976_s_at	1,4	Dynein light chain-A
219943_s_at	1,4	Hypothetical protein FLJ11850
201458_s_at	1,4	BUB3 (budding uninhibited by benzimidazoles 3, yeast) homolog
202903_at	1,4	AU153477 NT2RP3 Homo sapiens cDNA clone NT2RP3003272 3', mRNA sequence.
211703_s_at	1,4	Beta-amyloid binding protein precursor
219843_at	1,4	Intracisternal A particle-promoted polypeptide
214092_x_at	1,4	wp11d09.x1 NCI_CGAP_Kid12 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2464529 3' similar to TR:O60369 O60369 KIAA0365 ;, mRNA sequence.
205803_s_at	1,4	Transient receptor potential channel 1
219258_at	1,4	Hypothetical protein FLJ20516
203077_s_at	1,4	MAD (mothers against decapentaplegic, Drosophila) homolog 2
208809_s_at	1,4	Hypothetical protein FLJ12619
202709_at	1,4	Fibromodulin
220375_s_at	1,4	Hypothetical protein FLJ23312
202470_s_at	1,4	Cleavage and polyadenylation specific factor 6, 68kD subunit
213387_at	1,4	KIAA1240 protein
208720_s_at	1,3	wm93d01.x1 NCI_CGAP_Ut2 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2443489 3' similar to TR:Q14499 Q14499 SPLICING FACTOR. [1];, mRNA sequence.
207391_s_at	1,3	Phosphatidylinositol-4-phosphate 5-kinase, type I, alpha
203347_s_at	1,3	Putative DNA binding protein
205997_at	1,3	A disintegrin and metalloproteinase domain 28
203117_s_at	1,3	KIAA0710 gene product
213225_at	1,3	Protein phosphatase 1B (formerly 2C), magnesium-dependent, beta isoform
215189_at	1,3	Keratin, hair, basic, 6 (monilethrix)
220186_s_at	1,3	Protocadherin LKC
209006_s_at	1,3	Hypothetical protein dJ465N24.2.1
205742_at	1,3	Troponin I, cardiac
218408_at	1,3	Translocase of inner mitochondrial membrane 10 (yeast) homolog
207069_s_at	1,3	MAD (mothers against decapentaplegic, Drosophila) homolog 6
207069_s_at	1,3	MAD (mothers against decapentaplegic, Drosophila) homolog 6
209120_at	1,3	AV703465 ADB Homo sapiens cDNA clone ADBCHG08 5', mRNA sequence.
214768_x_at	1,3	602570501F1 NIH_MGC_77 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4694688 5', mRNA sequence.
203781_at	1,3	Mitochondrial ribosomal protein L33
212435_at	1,3	wu11d08.x1 NCI_CGAP_GC6 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2516655 3', mRNA sequence.
207543_s_at	1,3	Procollagen-proline, 2-oxoglutarate 4-dioxygenase (proline 4-hydroxylase), alpha polypeptide I
201784_s_at	1,3	Small acidic protein
218711_s_at	1,3	Serum deprivation response (phosphatidylserine-binding protein)
204841_s_at	1,3	Early endosome antigen 1, 162kD
205970_at	1,3	Metallothionein 3 (growth inhibitory factor (neurotrophic))
204528_s_at	1,3	Nucleosome assembly protein 1-like 1
220178_at	1,3	Hypothetical protein PP3501
215438_x_at	1,3	601497073F1 NIH_MGC_70 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3899034 5', mRNA sequence.

ID	cf	Gen
209088_s_at	1,3	yd26b11.s1 Soares fetal liver spleen 1NFLS Homo sapiens cDNA clone IMAGE:109341 3' similar to SP:YEMA_DROME P25992,, mRNA sequence.
207636_at	1,3	Serine (or cysteine) proteinase inhibitor, clade I (neuroserpin), member 2
206111_at	1,3	Ribonuclease, RNase A family, 2 (liver, eosinophil-derived neurotoxin)
200888_s_at	1,3	Ribosomal protein L23
207298_at	1,3	Solute carrier family 17 (sodium phosphate), member 3
37547_at	1,3	Human clone IMAGE:22181 unknown protein mRNA, partial cds.
207127_s_at	1,3	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein H3 (2H9)
205818_at	1,3	Deleted in bladder cancer chromosome region candidate 1
215234_at	1,3	xs69c06.x1 NCI_CGAP_Kid11 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2774890 3', mRNA sequence.
203689_s_at	1,3	wg85d05.x1 Soares_NSF_F8_9W_OT_PA_P_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2371881 3' similar to gb:S65791 FRAGILE X MENTAL RETARDATION 1 PROTEIN (HUMAN);, mRNA sequence.
217437_s_at	1,3	Transforming, acidic coiled-coil containing protein 1
202834_at	1,3	Angiotensinogen (serine (or cysteine) proteinase inhibitor, clade A (alpha-1 antiproteinase, antitrypsin), member 8)
205361_s_at	1,3	as51g04.x1 Barstead aorta HPLRB6 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2320758 3' similar to TR:Q92779 Q92779 C-1.,, mRNA sequence.
212122_at	1,3	602022620F1 NCI_CGAP_Brn67 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4158005 5', mRNA sequence.
210577_at	1,3	Calcium-sensing receptor (hypocalciuric hypercalcemia 1, severe neonatal hyperparathyroidism)
213754_s_at	1,3	hh67h11.x1 NCI_CGAP_GU1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2967909 3' similar to TR:O60455 O60455 POLYADENYLATE BINDING PROTEIN-INTERACTING PROTEIN-1.,, mRNA sequence.
212177_at	1,3	DKFZP564B0769 protein
212027_at	1,3	hy10f03.x1 NCI_CGAP_GC6 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3196925 3' similar to WP:W04D2.6A CE21257,, mRNA sequence.
214202_at	1,3	yx50h10.s1 Soares melanocyte 2NbHM Homo sapiens cDNA clone IMAGE:265219 3' similar to contains MER5.b3 MER5 repetitive element,, mRNA sequence.
219767_s_at	1,3	Crystallin, zeta (quinone reductase)-like 1
203988_s_at	1,3	Fucosyltransferase 8 (alpha (1,6) fucosyltransferase)
205628_at	1,3	Primase, polypeptide 2A (58kD)
213595_s_at	1,3	zk92f02.s1 Soares_pregnant_uterus_NbHPU Homo sapiens cDNA clone IMAGE:490299 3', mRNA sequence.
214331_at	1,3	we22f06.x1 NCI_CGAP_Lu24 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2341859 3', mRNA sequence.
220203_at	1,3	Hypothetical protein FLJ14351
202026_at	1,3	Succinate dehydrogenase complex, subunit D, integral membrane protein
204962_s_at	1,3	Centromere protein A (17kD)
209520_s_at	1,3	Nuclear cap binding protein subunit 1, 80kD
214059_at	1,3	xw86e11.x1 NCI_CGAP_Pan1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2834924 3', mRNA sequence.
40189_at	1,3	Human set gene, complete cds.
210970_s_at	1,3	Inhibitor of Bruton's tyrosine kinase
201138_s_at	1,3	602580582F1 NIH_MGC_61 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4718180 5', mRNA sequence.
205991_s_at	1,3	Paired mesoderm homeo box 1
212495_at	1,3	xm66e04.x1 NCI_CGAP_GC6 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2689182 3' similar to contains MER22.b2 MER22 repetitive element,, mRNA sequence.
201890_at	1,3	Ribonucleotide reductase M2 polypeptide
214710_s_at	1,3	601300355F1 NIH_MGC_21 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3630517 5', mRNA sequence.
204036_at	1,3	xs47d05.x1 NCI_CGAP_Kid11 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2772777 3', mRNA sequence.
209491_s_at	1,3	ol85h03.s1 NCI_CGAP_Kid5 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1536437 3' similar to gb:D12775 AMP DEAMINASE 3 (HUMAN);, mRNA sequence.
209491_s_at	1,3	ol85h03.s1 NCI_CGAP_Kid5 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1536437 3' similar to gb:D12775 AMP DEAMINASE 3 (HUMAN);, mRNA sequence.
201151_s_at	1,3	Muscleblind (Drosophila)-like
201626_at	1,3	ba69f11.x1 NIH_MGC_20 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2905677 3' similar to SW:CL6_RAT Q08755 INSULIN-INDUCED GROWTH RESPONSE PROTEIN CL-6,, mRNA sequence.
202762_at	1,3	Rho-associated, coiled-coil containing protein kinase 2
217627_at	1,3	601235986F1 NIH_MGC_44 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3608205 5', mRNA sequence.
209815_at	1,3	Patched (Drosophila) homolog
218590_at	1,3	Chromosome 10 open reading frame 2
205087_at	1,3	DKFZP566K023 protein
213584_s_at	1,3	tg77b01.x1 Soares_NhHMPu_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2114761 3' similar to TR:O35451 O35451 CREB-RP.,, mRNA sequence.
202104_s_at	1,3	Spastic paraplegia 7, paraplegin (pure and complicated autosomal recessive)
207158_at	1,3	Apolipoprotein B mRNA editing enzyme, catalytic polypeptide 1
213779_at	1,3	Consensus includes gb:AL031186 /DEF=Human DNA sequence from clone CTA-984G1 on chromosome 22q12.1-12.2 Contains the 5 part of the EWSR1 gene for Ewing sarcoma breakpoint region 1 protein, a novel gene and the 3 part of a novel gene with Collagen triple he
204595_s_at	1,3	qn55e06.x1 NCI_CGAP_Kid5 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1902178 3', mRNA sequence.
213251_at	1,3	AV712064 DCA Homo sapiens cDNA clone DCAAUD05 5', mRNA sequence.
210621_s_at	1,3	RAS p21 protein activator (GTPase activating protein) 1
202259_s_at	1,3	Hypothetical protein from BCRA2 region
218136_s_at	1,3	Mitochondrial solute carrier
206248_at	1,3	Protein kinase C, epsilon
204234_s_at	1,3	ti72g01.x1 NCI_CGAP_Kid11 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2137584 3' similar to gb:L11672 ZINC FINGER PROTEIN 91 (HUMAN);, mRNA sequence.
206551_x_at	1,3	Hypothetical protein FLJ20059
206551_x_at	1,3	Hypothetical protein FLJ20059
219872_at	1,3	AD021 protein
219872_at	1,3	AD021 protein
202379_s_at	1,3	qz24g07.x1 NCI_CGAP_CLL1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2027868 3' similar to gb:L04288 NK-TUMOR RECOGNITION PROTEIN (HUMAN);, mRNA sequence.

ID	cf	Gen
209835_x_at	1,3	CD44 antigen (homing function and Indian blood group system)
209835_x_at	1,3	CD44 antigen (homing function and Indian blood group system)
204569_at	1,3	MAK-related kinase
203279_at	1,3	KIAA0212 gene product
219480_at	1,3	Snail 1 (drosophila homolog), zinc finger protein
218311_at	1,3	Mitogen-activated protein kinase kinase kinase 3
211478_s_at	1,3	Dipeptidylpeptidase IV (CD26, adenosine deaminase complexing protein 2)
209246_at	1,3	ATP-binding cassette, sub-family F (GCN20), member 2
219148_at	1,3	PDZ-binding kinase; T-cell originated protein kinase
214895_s_at	1,3	AU135154 PLACE1 Homo sapiens cDNA clone PLACE1001348 5', mRNA sequence.
221908_at	1,3	602307631F1 NIH_MGC_88 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4398918 5', mRNA sequence.
206201_s_at	1,3	Mesenchyme homeo box 2 (growth arrest-specific homeo box)
209007_s_at	1,3	Hypothetical protein dJ465N24.2.1
202854_at	1,3	Hypoxanthine phosphoribosyltransferase 1 (Lesch-Nyhan syndrome)
216377_x_at	1,3	Human placental alkaline phosphatase-like gene 5' region.
219002_at	1,3	Hypothetical protein FLJ21901
213600_at	1,3	zv47a01.s1 Soares ovary tumor NbHOT Homo sapiens cDNA clone IMAGE:756744 3', mRNA sequence.
220227_at	1,3	Hypothetical protein FLJ22202
205103_at	1,3	Transcriptional activator of the c-fos promoter
216500_at	1,3	SEE ALSO
220940_at	1,3	KIAA1641 protein
220940_at	1,3	KIAA1641 protein
201920_at	1,3	Solute carrier family 20 (phosphate transporter), member 1
215179_x_at	1,3	SEE ALSO
205359_at	1,3	A kinase (PRKA) anchor protein 6
215499_at	1,3	aa67a09.s1 NCI_CGAP_GCB1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:825976 3', mRNA sequence.
211980_at	1,3	Collagen, type IV, alpha 1
208754_s_at	1,3	Nucleosome assembly protein 1-like 1
211185_s_at	1,3	Hypothetical protein FLJ14753
207529_at	1,3	Defensin, alpha 5, Paneth cell-specific
211137_s_at	1,3	ATPase, Ca++ transporting, type 2C, member 1
208651_x_at	1,3	CD24 antigen (small cell lung carcinoma cluster 4 antigen)
221589_s_at	1,3	Methylmalonate-semialdehyde dehydrogenase
206160_at	1,3	Apolipoprotein B mRNA editing enzyme, catalytic polypeptide-like 2
216322_at	1,3	CD58 antigen, (lymphocyte function-associated antigen 3)
218352_at	1,3	CLLL7 protein
201324_at	1,3	Epithelial membrane protein 1
202600_s_at	1,3	wj29e06.x1 NCI_CGAP_Kid12 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2404258 3' similar to SW:RI14_HUMAN P48552 NUCLEAR FACTOR RIP140. ; mRNA sequence.
207039_at	1,3	Cyclin-dependent kinase inhibitor 2A (melanoma, p16, inhibits CDK4)
205887_x_at	1,3	MutS (E. coli) homolog 3
202707_at	1,3	Uridine monophosphate synthetase (orotate phosphoribosyl transferase and orotidine-5'-decarboxylase)
200738_s_at	1,3	Phosphoglycerate kinase 1
208452_x_at	1,3	Myosin IXB
202603_at	1,3	yz16d01.s1 Soares_multiple_sclerosis_2NbHMSH Homo sapiens cDNA clone IMAGE:283201 3', mRNA sequence.
203223_at	1,3	Rabaptin-5
200773_x_at	1,3	Prothymosin, alpha (gene sequence 28)
212655_at	1,3	KIAA0579 protein
205077_s_at	1,3	Phosphatidylinositol glycan, class F
208103_s_at	1,3	Hypothetical protein MGC5350
221998_s_at	1,3	7h71f04.x1 NCI_CGAP_Co16 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3321439 3' similar to contains element MER6 repetitive element ; mRNA sequence.
209064_x_at	1,3	Polyadenylate binding protein-interacting protein 1
212111_at	1,3	Hypothetical protein MGC14797
209324_s_at	1,3	601888511F1 NIH_MGC_17 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4122242 5', mRNA sequence.
204508_s_at	1,3	Hypothetical protein FLJ20151
221677_s_at	1,3	Downstream neighbor of SON
202540_s_at	1,3	3-hydroxy-3-methylglutaryl-Coenzyme A reductase
208999_at	1,3	KIAA0202 protein
218411_s_at	1,3	MBIP protein
216431_at	1,3	SELECTED MODEL ORGANISM PROTEIN SIMILARITIES
204692_at	1,3	Leucine-rich repeat protein, neuronal 1
203356_at	1,3	ht55h12.x1 NCI_CGAP_Mel15 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3150695 3', mRNA sequence.
206120_at	1,3	CD33 antigen (gp67)
217920_at	1,3	yx04d03.s1 Soares melanocyte 2NbHM Homo sapiens cDNA clone IMAGE:260741 3', mRNA sequence.
222327_x_at	1,3	zx51h08.s1 Soares_testis_NHT Homo sapiens cDNA clone IMAGE:795807 3' similar to TR:G902330 G902330 PUTATIVE OLFACTORY RECEPTOR ; mRNA sequence.
218542_at	1,3	Hypothetical protein FLJ10540
203886_s_at	1,3	Fibulin 2
215001_s_at	1,3	Glutamate-ammonia ligase (glutamine synthase)
214542_x_at	1,3	H2A histone family, member C
218313_s_at	1,3	UDP-N-acetyl-alpha-D-galactosamine:polypeptide N-acetylgalactosaminyltransferase 7 (GalNAc-T7)
202766_s_at	1,3	Fibrillin 1 (Marfan syndrome)
219360_s_at	1,3	Hypothetical protein FLJ20041
218090_s_at	1,3	gb:Nm_018117.8 /DEF=Homo sapiens WD40 repeat domain 11 protein (WDR11), mRNA. /FEA=mRNA /GEN=WDR11 /PROD=WD40 repeat domain 11 protein /DB_XREF=gi:13324687 /UG=Hs.16677 WD repeat domain 15

ID	cf	Gen
		/FL=gb:AF320223.1 gb:NM_018117.8
208416_s_at	1,3	Spectrin, beta, erythrocytic (includes spherocytosis, clinical type I)
209649_at	1,3	Signal transducing adaptor molecule (SH3 domain and ITAM motif) 2
209121_x_at	1,3	Nuclear receptor subfamily 2, group F, member 2
217653_x_at	1,3	xg48a10.x1 NCI_CGAP_Ut1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2630778 3' similar to contains Alu repetitive element; mRNA sequence.
205751_at	1,3	SH3-domain GRB2-like 2
215096_s_at	1,3	AU145746 HEMBA1 Homo sapiens cDNA clone HEMBA1005679 3', mRNA sequence.
213164_at	1,3	wa01c11.x1 NCI_CGAP_Kid11 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2296820 3', mRNA sequence.
217307_at	1,3	SEE ALSO
203253_s_at	1,3	KIAA0433 protein
201930_at	1,3	Minichromosome maintenance deficient (mis5, S. pombe) 6
205849_s_at	1,3	Ubiquinol-cytochrome c reductase binding protein
209974_s_at	1,3	BUB3 (budding uninhibited by benzimidazoles 3, yeast) homolog
204174_at	1,3	Arachidonate 5-lipoxygenase-activating protein
204446_s_at	1,3	Arachidonate 5-lipoxygenase
203763_at	1,3	CGI-60 protein
216874_at	1,3	SEE ALSO
220157_x_at	1,3	Putative glycolipid transfer protein
212023_s_at	1,3	7g93e04.x1 NCI_CGAP_Co16 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3314046 3' similar to SW:KI67_HUMAN P46013 ANTIGEN KI-67. [1] ; mRNA sequence.
213305_s_at	1,3	Protein phosphatase 2, regulatory subunit B (B56), gamma isoform
209765_at	1,3	A disintegrin and metalloproteinase domain 19 (meltrin beta)
202082_s_at	1,3	SEC14 (S. cerevisiae)-like 1
202412_s_at	1,3	UI-HF-BN0-akf-f-02-0-UI.r1 NIH_MGC_50 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3077114 5', mRNA sequence.
202278_s_at	1,3	Serine palmitoyltransferase, long chain base subunit 1
222070_at	1,3	xd01c05.x1 NCI_CGAP_Brn35 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2592488 3', mRNA sequence.
213671_s_at	1,3	af53a09.s1 Soares_total_fetus_Nb2HF8.9w Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1035352 3' similar to gb:S62138 GROWTH ARREST AND DNA-DAMAGE-INDUCIBLE PROTEIN GADD153 (HUMAN); mRNA sequence.
201724_s_at	1,3	UDP-N-acetyl-alpha-D-galactosamine:polypeptide N-acetylgalactosaminyltransferase 1 (GalNAc-T1)
214651_s_at	1,3	Homeo box A9
219507_at	1,3	Hypothetical protein
209608_s_at	1,3	Acetyl-Coenzyme A acetyltransferase 2 (acetoacetyl Coenzyme A thiolase)
214244_s_at	1,3	AV717561 DCB Homo sapiens cDNA clone DCBARG05 5', mRNA sequence.
200994_at	1,3	RAN binding protein 7
210996_s_at	1,3	Tyrosine 3-monooxygenase/tryptophan 5-monooxygenase activation protein, epsilon polypeptide
216354_at	1,3	Consensus includes gb:AL031669 /DEF=Human DNA sequence from clone RP4-661I20 on chromosome 20q11.23-12 Contains a gene for a protein similar to RPL12 (ribosomal protein L12), part of a novel Helicase C-terminal domain and SNF2 N-terminal domains containin
203485_at	1,3	Reticulon 1
213134_x_at	1,3	wi80b08.x1 NCI_CGAP_Kid12 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2399607 3' similar to SW:BTG3_HUMAN Q14201 BTG3 PROTEIN ; mRNA sequence.
218263_s_at	1,3	Transposon-derived Buster1 transposase-like protein
201833_at	1,3	Histone deacetylase 2
208753_s_at	1,3	Nucleosome assembly protein 1-like 1
201237_at	1,3	AV685920 GKC Homo sapiens cDNA clone GKCEGD05 5', mRNA sequence.
201250_s_at	1,3	Solute carrier family 2 (facilitated glucose transporter), member 1
205798_at	1,3	Interleukin 7 receptor
210302_s_at	1,3	Mab-21 (C. elegans)-like 2
209330_s_at	1,3	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein D (AU-rich element RNA-binding protein 1, 37kD)
222048_at	1,3	nf95c09.s1 NCI_CGAP_Co3 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:927664 3', mRNA sequence.
203881_s_at	1,3	Dystrophin (muscular dystrophy, Duchenne and Becker types), includes DXS142, DXS164, DXS206, DXS230, DXS239, DXS268, DXS269, DXS270, DXS272
201202_at	1,3	Proliferating cell nuclear antigen
203537_at	1,3	Phosphoribosyl pyrophosphate synthetase-associated protein 2
35820_at	1,3	alternative; H.sapiens mRNA for GM2 activator protein.
209085_x_at	1,3	Replication factor C (activator 1) 1 (145kD)
220879_at	1,3	Hypothetical protein PRO1438
51176_at	1,3	zo08f01.s1 Stratagene neuroepithelium NT2RAMI 937234 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:567097 3', mRNA sequence.
221695_s_at	1,3	gb:AF239798.1 /DEF=Homo sapiens protein kinase MEKK2b mRNA, complete cds. /FEA=mRNA /PROD=protein kinase MEKK2b /DB_XREF=gi:7542556 /FL=gb:AF239798.1
214989_x_at	1,3	Phosphoinositol 3-phosphate-binding protein-2
213394_at	1,3	wd20b03.x1 Soares_NFL_T_GBC_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2328653 3' similar to contains TAR1.t3 TAR1 TAR1 repetitive element ; mRNA sequence.
203032_s_at	1,3	qy62g01.x1 NCI_CGAP_Brn25 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2016624 3' similar to gb:M15502 FUMARATE HYDRATASE, MITOCHONDRIAL (HUMAN); mRNA sequence.
205933_at	1,3	SET binding protein 1
206943_at	1,3	Transforming growth factor, beta receptor I (activin A receptor type II-like kinase, 53kD)
206550_s_at	1,3	Nucleoporin 155kD
214182_at	1,3	zs13h04.s1 NCI_CGAP_GCB1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:685111 3', mRNA sequence.
214349_at	1,3	AV764378 MDS Homo sapiens cDNA clone MDSAOE03 5', mRNA sequence.
222022_at	1,3	UI-HF-BK0-abi-e-06-0-UI.s1 NIH_MGC_36 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3056362 3', mRNA sequence.
204200_s_at	1,3	Platelet-derived growth factor beta polypeptide (simian sarcoma viral (v-sis) oncogene homolog)
207168_s_at	1,3	H2A histone family, member Y
210866_s_at	1,3	CCR4-NOT transcription complex, subunit 4
204286_s_at	1,3	Phorbol-12-myristate-13-acetate-induced protein 1
209753_s_at	1,3	602417192F1 NIH_MGC_92 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4536623 5', mRNA sequence.

ID	cf	Gen
213734_at	1,3	602372225F1 NIH_MGC_93 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4480039 5', mRNA sequence.
219890_at	1,3	C-type (calcium dependent, carbohydrate-recognition domain) lectin, superfamily member 5
203710_at	1,3	Inositol 1,4,5-triphosphate receptor, type 1
212823_s_at	1,3	AU147160 HEMBB1 Homo sapiens cDNA clone HEMBB1002566 3', mRNA sequence.
210540_s_at	1,3	UDP-Gal:betaGlcNAc beta 1,4- galactosyltransferase, polypeptide 4
205339_at	1,3	TAL1 (SCL) interrupting locus
202858_at	1,3	U2(RNU2) small nuclear RNA auxillary factor 1 (non-standard symbol)
211737_x_at	1,3	Pleiotrophin (heparin binding growth factor 8, neurite growth-promoting factor 1)
212417_at	1,3	7k36c05.x1 NCI_CGAP_Ov18 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3477489 3', mRNA sequence.
207716_at	1,3	Keratin, hair, acidic, 8
218587_s_at	1,3	X 010 protein
218587_s_at	1,3	X 010 protein
216492_at	1,3	Hypothetical gene FLJ00060
202460_s_at	1,3	Lipin 2
204451_at	1,3	Frizzled (Drosophila) homolog 1
204294_at	1,3	Aminomethyltransferase (glycine cleavage system protein T)
210329_s_at	1,3	Sarcoglycan, delta (35kD dystrophin-associated glycoprotein)
218428_s_at	1,3	REV1 (yeast homolog)- like
208868_s_at	1,3	601763146F1 NIH_MGC_20 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4026010 5', mRNA sequence.
201014_s_at	1,3	Multifunctional polypeptide similar to SAICAR synthetase and AIR carboxylase
201705_at	1,3	Proteasome (prosome, macropain) 26S subunit, non-ATPase, 7 (Mov34 homolog)
219094_at	1,3	HSPC056 protein
213743_at	1,3	7d75b03.x1 NCI_CGAP_Lu24 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3278765 3', mRNA sequence.
213474_at	1,3	wm91f10.x1 NCI_CGAP_Ut2 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2443339 3', mRNA sequence.
214237_x_at	1,3	wi51h05.x1 NCI_CGAP_Co16 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2393817 3' similar to TR:O75796 O75796 PROSTATE APOPTOSIS RESPONSE PROTEIN PAR-4. ; mRNA sequence.
203762_s_at	1,3	CGI-60 protein
209642_at	1,3	Budding uninhibited by benzimidazoles 1 (yeast homolog)
219689_at	1,3	Semaphorin sem2
206289_at	1,3	Homeo box A4
222204_s_at	1,3	DKFZP566E104 protein
201579_at	1,3	FAT tumor suppressor (Drosophila) homolog
201152_s_at	1,3	Muscleblind (Drosophila)-like
209404_s_at	1,3	CGI-109 protein
203678_at	1,3	KIAA1018 protein
218652_s_at	1,3	Hypothetical protein FLJ20265
215383_x_at	1,3	SEE ALSO
217870_s_at	1,3	UMP-CMP kinase
217870_s_at	1,3	UMP-CMP kinase
217870_s_at	1,3	UMP-CMP kinase
219911_s_at	1,3	Solute carrier family 21 (organic anion transporter), member 12
201948_at	1,3	Nucleolar GTPase
209890_at	1,3	Tetraspan 5
211929_at	1,3	601443732F1 NIH_MGC_65 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3847926 5', mRNA sequence.
207002_s_at	1,3	Pleiomorphic adenoma gene-like 1
209804_at	1,3	DNA-crosslink repair gene SNM1
202499_s_at	1,3	Solute carrier family 2 (facilitated glucose transporter), member 3
221799_at	1,3	KIAA1402 protein
211932_at	1,3	601443732F1 NIH_MGC_65 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3847926 5', mRNA sequence.
214260_at	1,3	oz32h07.x1 Soares_total_fetus_Nb2HF8_9w Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1677085 3', mRNA sequence.
212446_s_at	1,3	SEE ALSO
213605_s_at	1,3	SEE ALSO
218417_s_at	1,3	Hypothetical protein FLJ20489
218417_s_at	1,3	Hypothetical protein FLJ20489
208246_x_at	1,3	Hypothetical protein FLJ20006
214955_at	1,3	wd84f08.x1 NCI_CGAP_Lu24 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2338311 3', mRNA sequence.
214499_s_at	1,3	KIAA0164 gene product
201565_s_at	1,3	Inhibitor of DNA binding 2, dominant negative helix-loop-helix protein
213150_at	1,3	Homeo box A10
213150_at	1,3	Homeo box A10
207642_at	1,3	Hypocretin (orexin) neuropeptide precursor
208963_x_at	1,3	601066683F1 NIH_MGC_10 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3452925 5', mRNA sequence.
214035_x_at	1,3	EST179659 Cerebellum II Homo sapiens cDNA 3' end, mRNA sequence.
205782_at	1,3	Fibroblast growth factor 7 (keratinocyte growth factor)
209030_s_at	1,3	Immunoglobulin superfamily, member 4
204822_at	1,3	TTK protein kinase
204587_at	1,3	Solute carrier family 25 (mitochondrial carrier, brain), member 14
204844_at	1,3	Glutamyl aminopeptidase (aminopeptidase A)
215977_x_at	1,3	Glycerol kinase
210766_s_at	1,3	Chromosome segregation 1 (yeast homolog)-like
215136_s_at	1,3	Opa-interacting protein 2
212331_at	1,3	Retinoblastoma-like 2 (p130)
218100_s_at	1,3	Hypothetical protein FLJ10147
218100_s_at	1,3	Hypothetical protein FLJ10147
211987_at	1,3	Topoisomerase (DNA) II beta (180kD)
203209_at	1,3	Replication factor C (activator 1) 5 (36.5kD)

ID	cf	Gen
213248_at	1,3	AL577024 LTI_NFL006_PL2 Homo sapiens cDNA clone CS0DI082YN19 3' prime, mRNA sequence.
202780_at	1,3	3-oxoacid CoA transferase
212785_s_at	1,3	zo81d09.s1 Stratagene ovarian cancer (#937219) Homo sapiens cDNA clone IMAGE:593297 3', mRNA sequence.
203301_s_at	1,3	Cyclin D binding Myb-like transcription factor 1
211223_at	1,3	Prophet of Pit1, paired-like homeodomain transcription factor
212475_at	1,3	7a17c02.x1 NCL_CGAP_GC6 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3218978 3' similar to TR:Q92573 Q92573 MYELOBLAST KIAA0241 ;, mRNA sequence.
213373_s_at	1,3	nac51f11.x1 NCL_CGAP_Brn23 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3406220 3' similar to contains Alu repetitive element;contains element MER28 repetitive element ;, mRNA sequence.
218919_at	1,3	Hypothetical protein FLJ14007
200821_at	1,3	Lysosomal-associated membrane protein 2
209476_at	1,3	Thioredoxin domain-containing
206795_at	1,3	Coagulation factor II (thrombin) receptor-like 2
219374_s_at	1,3	Disrupted in bipolar disorder 1
207513_s_at	1,3	Zinc finger protein 189
210047_at	1,3	Solute carrier family 11 (proton-coupled divalent metal ion transporters), member 2
218980_at	1,3	Hypothetical protein FLJ22297
209207_s_at	1,3	SEC22, vesicle trafficking protein (S. cerevisiae)-like 1
204570_at	1,3	Cytochrome c oxidase subunit VIIa polypeptide 1 (muscle)
208864_s_at	1,3	Thioredoxin
221687_s_at	1,3	Hypothetical protein FLJ00001
209692_at	1,3	Eyes absent (Drosophila) homolog 2
207828_s_at	1,3	gb:NM_005196.1 /DEF=Homo sapiens centromere protein F (350400kD, mitosis) (CENPF), mRNA. /FEA=mRNA /GEN=CENPF /PROD=centromere protein F (350400kD, mitosis) /DB_XREF=gi:4885132 /UG=Hs.77204 centromere protein F (350400kD, mitosis) /FL=gb:NM_005196.1 gb:U
202653_s_at	1,3	Hypothetical protein DKFZp586F1122 similar to axotrophin
208673_s_at	1,3	Splicing factor, arginine/serine-rich 3
208673_s_at	1,3	Splicing factor, arginine/serine-rich 3
206183_s_at	1,3	Hect domain and RLD 3
204037_at	1,3	xs47d05.x1 NCL_CGAP_Kid11 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2772777 3', mRNA sequence.
209643_s_at	1,3	Phospholipase D2
218668_s_at	1,3	Hypothetical protein similar to small G proteins, especially RAP-2A
221455_s_at	1,3	Wingless-type MMTV integration site family, member 3
221367_at	1,3	V-mos Moloney murine sarcoma viral oncogene homolog
202776_at	1,3	Acidic 82 kDa protein mRNA
206147_x_at	1,3	Sex comb on midleg (Drosophila)-like 2
201821_s_at	1,3	Translocase of inner mitochondrial membrane 17 homolog A (yeast)
208269_s_at	1,3	A disintegrin and metalloproteinase domain 28
213083_at	1,3	Nucleotide-sugar transporter similar to C. elegans sqv-7
218564_at	1,3	Hypothetical protein FLJ10520
220599_s_at	1,3	Caspase recruitment domain protein 14
212920_at	1,3	AV682285 GKB Homo sapiens cDNA clone GKBACA04 5', mRNA sequence.
214988_s_at	1,3	SON DNA binding protein
205071_x_at	1,3	X-ray repair complementing defective repair in Chinese hamster cells 4
219647_at	1,3	Popeye protein 2
216411_s_at	1,3	Galactokinase 2
208478_s_at	1,3	BCL2-associated X protein
201931_at	1,3	Electron-transfer-flavoprotein, alpha polypeptide (glutaric aciduria II)
214820_at	1,3	Transcriptional unit N143
203797_at	1,3	Visinin-like 1
203667_at	1,3	Tubulin-specific chaperone a
207600_at	1,3	Potassium voltage-gated channel, Shaw-related subfamily, member 3
201210_at	1,3	DEAD/H (Asp-Glu-Ala-Asp/His) box polypeptide 3
206688_s_at	1,3	Cleavage and polyadenylation specific factor 4, 30kD subunit
213165_at	1,3	ov77g06.x1 Soares_testis_NHT Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1643386 3', mRNA sequence.
217941_s_at	1,3	ErbB2-interacting protein ERBIN
210157_at	1,3	wq94f01.x1 NCL_CGAP_GC6 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2479705 3', mRNA sequence.
202790_at	1,3	Claudin 7
213105_s_at	1,3	BAI1-associated protein 3
207191_s_at	1,3	Immunoglobulin superfamily containing leucine-rich repeat
216923_at	1,3	Retinosischisis (X-linked, juvenile) 1
201812_s_at	1,3	6.2 kd protein
218040_at	1,3	Hypothetical protein FLJ10330
214800_x_at	1,3	yp87a05.s1 Soares fetal liver spleen 1NFLS Homo sapiens cDNA clone IMAGE:194384 3', mRNA sequence.
204148_s_at	1,3	POM (POM121 rat homolog) and ZP3 fusion
213703_at	1,3	zh46c11.s1 Soares_fetal_liver_spleen_1NFLS_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:415124 3' similar to contains Alu repetitive element;, mRNA sequence.
212659_s_at	1,3	xc08g03.x1 NCL_CGAP_Co21 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2583700 3' similar to gb:X64532_rna1 INTERLEUKIN-1 RECEPTOR ANTAGONIST PROTEIN PRECURSOR (HUMAN);contains element MER7 MER7 repetitive element ;, mRNA sequence.
205060_at	1,3	Poly (ADP-ribose) glycohydrolase
217167_x_at	1,3	alternative; Homo sapiens partial GK gene for glycerol kinase, exon 1 (glycerol kinase deficiency case).
211040_x_at	1,3	G-2 and S-phase expressed 1
213488_at	1,3	DKFZP586B2420 protein
219366_at	1,3	Cell death regulator aven
216482_x_at	1,3	Zinc finger protein 79 (pT7)

ID	cf	Gen
216482_x_at	1,3	Zinc finger protein 79 (pT7)
219134_at	1,3	EGF-TM7-latrophilin-related protein
215394_at	1,3	AU148957 NT2RM4 Homo sapiens cDNA clone NT2RM4001313 3', mRNA sequence.
218598_at	1,3	Rad50-interacting protein 1
209448_at	1,3	HIV-1 Tat interactive protein 2, 30 kDa
212749_s_at	1,3	DKFZP586C1620 protein
202289_s_at	1,3	Transforming, acidic coiled-coil containing protein 2
203776_at	1,3	T54 protein
201444_s_at	1,3	ATPase, H ⁺ transporting, lysosomal (vacuolar proton pump) membrane sector associated protein M8-9
204093_at	1,3	Cyclin H
214605_x_at	1,3	DKFZp586L0417_r1 586 (synonym: hute1) Homo sapiens cDNA clone DKFZp586L0417 5', mRNA sequence.
210568_s_at	1,3	RecQ protein-like (DNA helicase Q1-like)
208934_s_at	1,3	Lectin, galactoside-binding, soluble, 8 (galectin 8)
177_at	1,3	PLD1a; phosphatidylcholine-specific; activated by PIP2, ARF; inhibited by oleate; membrane associated; Human ARF-activated phosphatidylcholine-specific phospholipase D1a (hPLD1) mRNA, complete cds.

ID: Affymetrix-Identität. cf: change fold.

Danksagung

Hiermit möchte ich mich bei allen Menschen bedanken, die mir während der Durchführung dieser Doktorarbeit hilfreich zur Seite standen.

Besonders zu erwähnen sind folgende Personen:

Frau PD Dr. Christine Sers, die sich meiner annahm und mich die letzten Wege bis hin zur Korrektur dieser Doktorarbeit begleitete und unterstützte. Hiermit möchte ich mich für die Mühe, die Hilfe, die anregenden Diskussionen, die Ratschläge, das Erlernen aller wichtigen Methoden im Alltag eines Biologen sowie das Vertrauen ihrerseits in mich bedanken.

Herr Prof. Dr. Krenn, der mir jederzeit tatkräftig zur Seite stand und mir alle nötigen Dinge der Pathologie und Medizin nahe gebracht hat. Vielen Dank für die tollen Reisen, die ich im Rahmen von Vorträgen und Posterpräsentationen unternehmen konnte.

Frau Gabriele Fernahl und **Frau Janine Karle**, die mir jederzeit mit Rat und Tat zur Seite standen und mich durch die Anfänge dieser Promotion begleiteten.

Die netten Kolleginnen und Kollegen der Arbeitsgruppe von Frau PD Dr. Christine Sers und Herrn Prof. Dr. Reinhold Schäfer, die mich wohlwollend aufnahmen, in die Gemeinschaft integrierten und mir jederzeit bereitwillig zur Seite standen. Mein besonderer Dank gilt **Nadine Schmidt** und **Lena Herbst**.

Frau Dr. Aurelia Noske und **Herr Dr. Lars Morawietz**, die mir jederzeit bei pathologischen Fragen hilfreiche Dienste erwiesen.

Frau Petra Wachs und **Frau Anne Strandsby**, die durch ihr Wissen und ihre hilfreichen Unterstützung einen wertvollen Beitrag zum Gelingen dieser Promotion geleistet haben.

Frau Andrea Solf, die mich ständig mit Papern und frischem Kaffee versorgte und auf jede dumme Frage eine Antwort wusste.

Publikationsliste

Veröffentlichungen

- 1.) **Raphaela Günther**, Lars Morawietz, Thorsten Gehrke, Lars Frommelt, Christian Kaps, Veit Krenn, „Inflammatorische Reaktion bei abriebinduzierter und infektiöser Lockerung von Hüft- und Knieendoprothesen: Pathogenetische Relevanz differentiell exprimierter entzündungsassoziierter Gene (CD9, CD11b, CD18, CD52 und PDGFR β)“, Orthopäde. 2005 34 (1): 55-64
- 2.) **Raphaela Guenther**, Lars Morawietz, Marie Friederich, Thorsten Gehrke, Lars Frommelt, Jörg H Schröder, Veit Krenn “Expression of CD9, CD11b, CD18, CD52 and PDGFR- β in the interface membrane of loose endoprostheses” Pathology Research and Practice. 2005 201 (6): 435-442 (IF 1.049)
- 3.) **Raphaela Guenther**, Veit Krenn, Lars Morawietz, Anja Dankof, Ingo Melcher, Klaus-Dieter Schaser, Hans-Udo Kasper, Ralf-Jürgen Kuban, Ute Ungethüm, Christine Sers, Giant cell tumors of the bone: Molecular profiling and expression analysis of Ephrin A1 receptor, Claudin 7, CD52, FGFR3 and AMFR, Pathology Research and Practice. 2005 201 (10): 649-663 (IF 1.049)
- 4.) Anja Dankof, Maximilian Schmeding, Lars Morawietz, **Raphaela Guenther**, Manfred G. Krukemeyer, Birgit Rudolph, Martin Koch, Veit Krenn, Ulf Neumann, „Portal capillary C4d deposits and increased infiltration by macrophages indicate humorally mediated mechanisms in acute cellular liver allograft rejection“, Virchows Archiv. 2005 447 (1): 87-93

- 5.) Irina Nazarenko, Glen Kristiansen, Sabine Fonfara, **Raphaela Guenther**, Cornelia Gieseler, Wolfgang Kemmner, Reinhold Schafer, Iver Petersen and Christine Sers, "H-REV107-1 stimulates growth in non-small cell lung carcinomas via the activation of mitogenic signalling", American Journal of Pathology. 2006 169 (4):1427-1439
- 6.) "Ephrin expression in osteosarcomas" (in progress)
- 7.) "Therapeutic potential of CAMPATH-1H in skeletal tumors" (in progress)

Vorträge

- 1.) Raphaela Günther, Marie Friederich, Lars Morawietz, Veit Krenn, "Inflammatory reactions in the wear particle induced and infectious periprosthetic membrane of loosened hip- and knee endoprostheses: pathogenetic relevance of differentially expressed genes cd9, cd11b, cd18, cd52 and pdgfrß", Pathology Research and Practice, Vol. 200, 2004, S.266
- 2.) Raphaela Günther, Lars Morawietz, Thorsten Gehrke, Lars Frommelt, Veit Krenn "Gene expression profiling of chronic inflammation in the periprosthetic membrane", NGFN Workshop, Abstracts
- 3.) Raphaela Guenther, Christine Sers, Lars Morawietz, Ingo Melcher, Klaus-Dieter Schaser, Ralf-Juergen Kuban, Veit Krenn, „Giant cell tumors of bone: Molecular profiling and description of Ephrin A1-Receptor, Claudin 7, CD52 and AMFR", Compendium of Abstracts Gene Signatures Symposia 2005 Berlin, S. 66

- 4.) Guenther Raphaela, Morawietz Lars, Gruetzkau Andreas, Melcher Ingo, Schaser Klaus-Dieter, Sers Christine, Krenn Veit, „Extracellular and intracellular expression of CD52 in skeletal tumors“, Virchows Archiv, Vol. 447 (2), 2005, S. 181
- 5.) Raphaela Guenther, “CD52 Expression in osteogenen Geweben und Tumoren“, TMA Symposium 03.11.05, Berlin Institut für Pathologie

Posterpräsentationen

- 1.) R. Guenther, L. Morawietz, I. Melcher, K. D. Schaser, R. J. Kuban, U. Ungethuem, V. Krenn, “Gene expression profiling of giant cell tumors of bone“, Pathology International, Vol. 54, Supplement 2, 2004, S. A40
- 2.) R. Guenther, L. Morawietz, M. Friederich, V. Krenn, “Inflammatory reactions in the wear particle induced and infectious periprosthetic membrane of loosened hip- and knee endoprostheses: pathogenetic relevance of differentially expressed genes cd9, cd11b, cd18, cd52 and pdgfrß“, Pathology International, Vol. 54, Supplement 2, 2004, S. A40
- 3.) Raphaela Günther, Lars Morawietz, Thorsten Gehrke, Lars Frommelt, Veit Krenn, “Inflammatory reactions in the periprosthetic membrane of loosened endoprostheses: Pathogenetic relevance of differentially expressed genes“, Netzwerk Rheumatologie, 2004, S. 36
- 4.) Raphaela Günther, Lars Morawietz, Thorsten Gehrke, Lars Frommelt, Veit Krenn, „Differentially expressed genes and inflammatory reactions in the

periprosthetic membrane of loosened endoprostheses: Validation of cDNA-microarray data", NGFN Meeting, Abstracts, 2004, 03.28

- 5.) Raphaela Günther, Klaus-Dieter Schaser, Ingo Melcher, Veit Krenn, „CD52 expression on osteogenic tumors“, Pathology Research and Practice, Vol. 201/3, 2005, S.258
- 6.) Raphaela Günther, Christine Sers, Lars Morawietz, Ingo Melcher, Klaus-Dieter Schaser, Hans Udo Kasper, Ralf-Jürgen Kuban, Ute Ungethüm, Veit Krenn, „Validation of microarray data differentially expressed genes in giant cell tumors of bone“, Pathology Research and Practice, Vol. 201/3, 2005, S.257
- 7.) Raphaela Günther, Christine Sers, Lars Morawietz, Manfred Dietel, Veit Krenn, „CD52 as a new marker for osteogenic tumors and its potential implication in therapy“, Proceedings CD-Rom Volume 46, April 2005, 96th annual AACR meeting
- 8.) Guenther R., Noske A., Krenn V., Sers C., „Ephrin profiling of human osteosarcoma and chondrosarcoma“ Pathology Research and Practice, Vol. 202/4, 2006, S.252
- 9.) Guenther R., Noske A., Krenn V., Sers C., „Expression of ephrins in human osteosarcoma and chondrosarcoma“, Proceedings CD-Rom Volume 47, April 2006, 97th annual AACR meeting
- 10.) Raphaela Guenther, Thomas Böhme, Josef Zacher, Andreas Grützkau, Veit Krenn, Thomas Häupl, “Comparative expression profiling in rheumatoid arthritis and giant cell tumor: Molecular similarities and their relationship to

bone destruction and tissue invasion", International Symposium: Functional genomics of infectious diseases and inflammation, Abstracts S. 87

- 11.) Raphaela Guenther, Thomas Böhme, Martin Jakobs, Josef Zacher, Andreas Grützkau, Veit Krenn, Thomas Häupl "Comparative expression profiling in rheumatoid arthritis and giant cell tumor: Molecular similarities and their relationship to bone destruction and tissue invasion", NGFN Meeting, Abstracts S. 356

- 12.) Guenther R., Noske A., Schlag P., Dietel M., Krenn V., Sers C. "A potential growth regulatory role for EpHA2 in osteosarcomas", Proceedings CD-Rom Volume 48, April 2005, 98th annual AACR meeting

Patentanmeldungen

Kapitel 6 „CD52 in osteogenen Tumoren“ umfasst folgende Patente:

- 1.) U.S. Patentanmeldung Nr. 10/582,697 „Use of ligands of specific antigens for the diagnosis and treatment of solid tumours and bone-related cancerous diseases“; vorr. Veröffentlichung am 06.06.2007
- 2.) Europäische Patentanmeldung Nr. 03 029 464.9-2402 „Use of ligands of the antigen CD52 for the treatment of solid tumours and bone-related cancerous diseases“

Ferner wurde im Zuge der CD52-Bearbeitung folgendes Patent angemeldet:

Europäische Patentanmeldung Nr. EP04024106.9 sowie die Anweisung zur US Patentanmeldung „Use of ligands of the antigen CDw52 for the treatment of diseases that are related with degenerated macrophages“

Selbständigkeitserklärung

Ich, Raphaela Günther, erkläre an Eides statt, dass ich die vorgelegte Dissertationsschrift mit dem Thema „Genomweites Expressionsprofil skelettaler Tumore und funktionelle Analyse der Ephrine und CD52 in Osteosarkomen und Riesenzelltumoren“ selbst verfasst und keine anderen als die angegebenen Quellen und Hilfsmittel benutzt, ohne die (unzulässige) Hilfe Dritter verfasst und auch in Teilen keine Kopien anderer Arbeiten dargestellt habe.

Raphaela Günther